CRISTINA DE FÁTIMA MACHADO

PROCEDIMENTOS PARA A ESCOLHA DE GENITORES DE FEIJÃO

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Mestre".

Orientador
Prof. Dr. João Bosco dos Santos

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
1999

Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos d
Biblioteca Central da UFLA

Machado, Cristina de Fátima
Procedimentos para a escolha de genitores de feijão / Cristina de Fátima Machado. – Lavras : UFLA, 1999.
118 p. : il.

Orientador: João Bosco dos Santos.
Dissertação (Mestrado) – UFLA.
Bibliografia.

1. Feijão. 2. Escolha de genitor. 3. Distância de Mahalanobis. 4. Agrupamento. 5. Capacidade combinatória. 6. Divergência genética. 7. Distância genética. 8. Marcador molecular. I. Universidade Federal de Lavra II. Título.

CDD-635.6523

CRISTINA DE FÁTIMA MACHADO

PROCEDIMENTOS PARA A ESCOLHA DE GENITORES DE FEIJÃO

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração Genética e Melhoramento de plantas, para obtenção do título de "Mestre".

APROVADA em 29 de março de 1999

Pesqa. Ângela de Fátima Barbosa Abreu — EMBRAPA/EPAMIG

Pesqo. Luiz Antônio dos Santos Dias — CEPEC/DBG/UFV

Prof. João Bosco dos Santos
UFLA
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
1999

SUCESSO

"Rir muito e com frequência; Ganhar o respeito das pessoas inteligentes e o afeto das crianças; Merecer a consideração de críticos honestos e superar a traição dos falsos amigos; Apreciar a beleza, encontrar o melhor nos outros; Deixar o mundo um pouco melhor, seja por uma saudável criança, um canteiro de jardim ou uma redimida condição social; Saber que ao menos uma vida respirou mais fácil porque você viveu. Isso é ter tido sucesso".

"Ralph Wando Emerson".

À memória de minha mãe,

Margarida dos Santos Machado

MINHA HOMENAGEM

A meu pai,

Marden José Machado

DEDICO

Aos meus irmãos;

Aparecida, Silvana, Kátia, Armando, Júnior e André, pelo estímulo, ajuda, carinho e compreensão,

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela saúde e disposição para a execução deste trabalho.

À Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade de realização do curso de mestrado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao orientador João Bosco dos Santos, pela orientação, amizade, dedicação, disponibilidade, pelos ensinamentos transmitidos no decorrer do curso e sobretudo pela confiança depositada.

Ao amigo Glauber Henrique de Sousa Nunes, que na função de Co-orientador, foi um companheiro em todas as etapas de execução deste trabalho, demonstrando paciência e por todos os ensinamentos prestados, os quais foram valiosos.

À amiga Marcia Kaline Nunes pela amizade e auxílio nas etapas deste trabalho.

Ao amigo André Luiz Atrock pela amizade, ensinamentos transmitidos e pelo auxílio nos momentos oportunos.

Ao amigo Leonardo Cunha Melo, pela amizade e pelos ensinamentos no decorrer deste curso.

Ao amigo Jair de Moura Duarte, por todos os ensinamentos e pelo auxílio com o programa NTSYS.

À amiga Giovana Augusta Torres, pelos ensinamentos, sugestões e opiniões apresentadas.

Aos amigos do Laboratório de Genética Molecular.DBI/Ana Luiza, Everton, Márcia e Viviane, pela colaboração e amizade.

Aos amigos de república: Oneida, Anderson e Flávia pelos bons momentos vivenciados e amizade.

A todos os colegas do curso de Genética e Melhoramento de Plantas e dos outros cursos de pós-graduação, pelo convívio e amizade.

Aos pesquisadores Ângela de Fátima Barbosa Abreu e Luiz Antônio dos Santos Dias pelas contribuições apresentadas para o êxito deste trabalho.

Aos professores do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, pela amizade e conhecimentos transmitidos.

Aos funcionários do Departamento de Biologia, pelos auxílios prestados.

Aos funcionários da biblioteca da UFLA, pelo atendimento e correções das referências bibliográficas.

Ao Núcleo de Estudo em Genética (GEN), pelas oportunidades oferecidas.

À associação de Pós-graduação, por representar-nos como estudantes.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

ANEXOS

ANEXO A

ANEXO B

ANEXO C

RESUMO

MACHADO, C.F. **Procedimentos para a escolha de genitores de feijão.** Lavras: UFLA, 1999. 118 p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)*

O sucesso do melhoramento do feijoeiro por meio da hibridação depende da escolha de genitores que produzam populações segregantes com ampla variabilidade e também alta produtividade de grãos. Na primeira parte deste trabalho, foram realizadas as avaliações morfo-agronômicas para obtenção da distância de Mahalanobis (D^2), a partir dos doze cultivares/linhagens (Aporé, H-4-7, PF-9029975, CI-128, Carioca MG, CI-21, Carioca 300V, Ouro Negro, IAC Carioca Aruã, A-285 Rudá, ESAL-693 e Pérola), avaliados em quatro ambientes (inverno/97, águas97/98, seca/98 e inverno/98). Foi utilizado o delineamento blocos casualizados com três repetições. Verificou-se que os cultivares/linhagens diferiram em todos os caracteres, além da significância dos efeitos de épocas e da interação. As distâncias de Mahalanobis (D^2) classificaram os cultivares/linhagens em dois grupos distintos. Ocorreram discrepâncias nos agrupamentos nas diferentes épocas, no entanto, existem concordâncias entre os cultivares/linhagens mais divergentes. A linhagem ESAL 693 e o cultivar Ouro Negro foram os mais divergentes nas quatro épocas. Os caracteres que mais contribuíram para a divergência nas quatro épocas foram: peso de 100 sementes, número de dias para florescimento, número de internódios e comprimento da haste principal. As combinações mais divergentes foram: PF-9029975 e ESAL 693, A-285 Rudá e ESAL 693, Carioca MG e ESAL 693, e IAC Carioca Aruã e ESAL 693. A distância de Mahalanobis (D^2) mostrou-se útil quando o objetivo foi a obtenção de populações segregantes em vários caracteres agronômicos, porém, quando visa somente a produção de grãos, ela não foi eficiente. Em uma segunda parte, foram avaliadas as capacidades geral e específica de combinação por meio de um dialelo completo entre esses doze cultivares/linhagens. Os genitores e as populações segregantes F_2 foram avaliados por meio da produção de grãos, utilizando-se o delineamento látice quadrado triplo 9x9. Os resultados indicaram que houve predominância de efeitos não aditivos, sendo que os efeitos aditivos também foram significativos. Entre as populações com valores positivos de g_i, as populações Aporé x CI-128, CI-128 x Pérola, PF-9029975 x Ouro Negro, e CI-128 x Ouro Negro também exibiram valores positivos de s_{ij} e elevadas produções de grãos, sendo as mais promissoras para a seleção de linhagens. Houve correlação significativa entre CEC e heterose. Em uma terceira parte, avaliou-se a eficiência dos marcadores moleculares RAPD na escolha de

*Orientador: João Bosco dos Santos. Membros da Banca: Ângela de Fátima Barbosa Abreu e Luiz Antônio dos Santos Dias.

genitores, verificando a associação desta divergência com estimativas dos parâmetros do dialelo e com a distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Para isso, foi estimada a divergência genética dos doze cultivares/linhagens. As distâncias genéticas foram obtidas pelo complemento do coeficiente de similaridade de Sorensen-Dice, e o agrupamento destas distâncias, realizado a partir de um dendrograma (método UPGMA) e pelo método de Tocher. Os resultados indicaram que os marcadores RAPD separaram os cultivares/linhagens em cinco grupos distintos e forneceram resultados similares aos obtidos a partir de características morfo-agronômicas avaliadas pela distância de Mahalanobis, especialmente quanto aos mais divergentes. Essa associação sugere que qualquer dos dois procedimentos de estimativa da distância são úteis para identificar a divergência, quando o interesse do melhorista é o melhoramento de vários caracteres agronômicos. Entretanto, eles não foram eficientes quando o interesse foi apenas a produtividade de grãos, como o indicado pela falta de correlação com a capacidade específica de combinação.

ABSTRACT

PROCEDURES FOR CHOICE OF BEAN PARENTS

The success of bean plant breeding by means of hybridization depends upon the choice of parents which bear segregating populations with broad variability and also high grain yield. In the first part of this work the morpho-agronomic evaluations for obtaining Mahalanobis' distance (D^2) from the twelve cultivars/lines (Aporé, H-4-7, PF-9029975, CI-128, Carioca MG, CI-21, Carioca 300V, Ouro Negro, IAC Carioca Aruã, A-285 Rudá, ESAL 693 and Pérola), assessed in four seasons (winter/97, waters-97/98, drought/98 and winter/98) were performed. The randomized block design with three replications was utilized. It was verified that the cultivars/lines differed in all characters, besides the significance of the season and interaction effects. Mahalanobis' distances (D^2) ranked the cultivars/lines in two distinct groups. Discrepancies occurred in the groupings in the different seasons, however, there are agreements among the most divergent cultivars/lines. The line ESAL 693 and the cultivar Ouro Negro were the most divergent in the four seasons. The characters most contributing to the divergence in the four seasons were: weight of 100 seeds, number of days to flowering, number of internodes and length of the main stem. The most divergent combinations were: PF-9029975 and ESAL 693 , A-285 Rudá and ESAL 693, Carioca MG and Esal 693 and IAC Carioca Aruã and ESAL 693 and IAC Carioca Aruã and ESAL 693. Mahalanobis' distance (D^2) proved useful when the objective was obtaining segregating populations in several agronomic characters, but when it is aimed at only grain production, it was not effective. In a second part, were evaluated the general and specific combining capacities by means of a complete diallel among those twelve/cultivars. Both parents and F_2 segregating populations were evaluated by means of grain yield, by utilizing the 9x9 triple square lattice design. The results pointed out that there was a predominance of non-additive effects, being the additive effects also were significant. Among the populations with positive g_i values, the populations Aporé x CI-128, CI-128 x Pérola, PF-9029975 x Ouro Negro and CI-128 x Ouro Negro also displayed positive sij values and elevated grain yields, their being the most promising for line selection. There was a positive correlation between the SCA and heterosis. In a third part, the efficiency of the RAPD molecular markers in parent choice by verifying the association of that divergence with estimates of the parameters of the diallel and with Mahalanobis' generalized distance (D^2). So, the genetic divergence of the twelve cultivars/lines was estimated. The genetic distances were obtained by the complement of Sorensen-

---

Guidance committee: João Bosco dos Santos (Major Professor), Ângela de Fátima Barbosa Abreu - EMBRAPA/EPAMIG and Luiz Antônio dos Santos Dias - UFV.

Dice's similarity coefficient and the grouping of these distances, performed from a dendrogram (UPGMA method) and by Tocher's method. The results showed that RAPD markers separate the cultivars/lines into five distinct groups and furnished results similar to those obtained from the morpho-agronomic characteristics evaluated by Mahalanobis' distance, particularly as to the most divergent ones. That association suggests that either distance estimating procedures are useful to identify divergence when the breeder's interest is the improvement of a number of agronomic characters. However, they were not efficient when interest was only grain yield, as denoted by the lack of correlation with the specific combining capacity.

1 INTRODUÇÃO

O sucesso do melhoramento do feijoeiro, por meio da hibridação, depende da obtenção de populações segregantes com ampla variabilidade e também alta produtividade de grãos. Em tais populações, têm-se maiores chances de seleção de linhagens com alta produtividade.

Por outro lado, a obtenção de linhagens promissoras, a partir de populações provenientes de cruzamentos, onde pelo menos um dos genitores não é adaptado, é difícil , embora elas apresentem maior variabilidade (Abreu, 1997).

Em consequência, um procedimento geralmente empregado na obtenção de populações segregantes é a utilização dos melhores cultivares e linhagens selecionados, que garantem maior produtividade de grãos (Fehr, 1987). Entretanto, esses genitores tendem a ser mais aparentados, resultando na redução da variabilidade das populações (Abreu, 1997).

Diante desses fatos, a escolha dos genitores torna-se uma operação importante para assegurar a obtenção de populações segregantes promissoras. Para essa escolha, existem vários procedimentos. Entre eles estão aqueles que se baseiam nos próprios genitores, por meio da estimativa da divergência genética entre eles. Tal estimativa pode ser realizada a partir da avaliação de vários caracteres dos genitores, os quais podem ser empregados na obtenção da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), Cruz e Regazzi (1997). Uma outra alternativa disponível consiste na estimativa da distância genética por meio de um marcador molecular como o RAPD ("Random Amplified Polymorphic DNA"), desenvolvido por (Williams et al, 1990) (Ferreira e Grattapaglia, 1996). Em ambos os casos, espera-se que os genitores mais divergentes produzam populações segregantes com maior variabilidade.

Outra forma para inferir sobre a variabilidade das populações segregantes é a partir da heterose das mesmas. Nesse contexto, os dialelos vêm sendo amplamente empregados, e o procedimento de Griffing (1956) é um dos mais utilizados. Por meio desse procedimento, estima-se a capacidade específica de combinação (CEC), que é correlacionada com a variabilidade das populações segregantes, na presença de efeitos genéticos predominantemente não-aditivos (Veiga, Nunes e Santos, 1998). Além da CEC, estima-se também a capacidade geral de combinação (CGC), que dá idéia do potencial de produtividade das populações segregantes. Portanto, o dialelo constitui-se em uma ferramenta importante para a escolha de genitores, apesar do inconveniente de requerer a obtenção e avaliação de um grande número de híbridos, sendo a maioria, não aproveitada no programa de melhoramento.

Diante da considerável facilidade de estimativa da divergência genética dos genitores por meio do desempenho *per se* ou do emprego de marcadores moleculares, em comparação com aqueles fornecidos pelo dialelo, os objetivos desse trabalho foram: 1) verificar se as distâncias de Mahalanobis (D^2) classificam os cultivares/linhagens adaptados na região, permitindo a escolha das combinações superiores; 2) escolher as populações de feijão mais promissoras para a seleção de linhagens, com base nas capacidades geral e específica de combinação dos genitores, relativas à produção de grãos, e verificar associação entre a capacidade específica de combinação e heterose; 3) estimar a distância genética obtida por marcadores RAPD, entre cultivares/linhagens adaptados de feijão; 4) verificar se a distância genética estimada por meio do RAPD é eficiente na escolha de genitores promissores, por meio da correlação com algumas estimativas do dialelo e com a distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância e procedimentos para estimar a divergência genética

A diversidade genética tem sido utilizada para identificar combinações híbridas superiores dos genitores, estudar o processo evolutivo das plantas, assim como permitir a identificação de um conjunto gênico mais amplo, bem como variabilidade genética dos cruzamentos (Morais, 1992).

Normalmente, populações que apresentam base genética ampla apresentam variância genética aditiva de maior magnitude, respondem efetivamente à seleção, permitindo, assim, obter ganhos com a seleção nos programas de melhoramento (Nienhuis e Singh, 1988).

Cruz (1990) relata que nos casos em que a população desenvolvida, melhorada ou não, é utilizada como fonte para extração de linhagens, sendo este fato comum no melhoramento de autógamas, a utilização de genitores divergentes e de melhor comportamento *per se* tem maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes. Daí a importância dos estudos sobre divergência genética nos programas de melhoramento envolvendo hibridações.

A divergência genética entre genitores pode ser avaliada por meio de vários métodos e, entre eles, destacam-se: estudos genealógicos; diversidade ecogeográfica; análise química (eletroforese); análise dialélica; segregação transgressiva e, finalmente, técnicas de análise multivariada.

Normalmente, a avaliação da divergência genética pela análise genealógica, na maioria das vezes, é impossibilitada por falta de registro da genealogia das populações de interesse. Por outro lado, a diversidade geográfica tem sido utilizada frequentemente como indicação de diversidade genética, embora sua utilidade tenha sido questionada, uma vez que a diversidade

geográfica não resulta, necessariamente, em divergência genética, conforme relata Oliveira (1989). Moll, Salhuana e Robinson (1962) citam que a introdução de genitores divergentes quanto à genealogia e à origem geográfica é um dos meios para aumentar a diversidade genética de uma população sob seleção. Contudo, existem informações de que esses critérios nem sempre são suficientes para se garantir o desempenho satisfatório da população híbrida resultante (Moll et al., 1965; Kanwal, Singh e Singh, 1983; Julquifar, Virmani e Carpena, 1985).

As estimativas das distâncias genéticas entre populações podem ser facilitadas quando se recorre ao emprego das técnicas usadas em taxonomia numérica. Essas técnicas foram desenvolvidos por Fisher (1936) e mais tarde adaptadas para resolver problemas em sistemática biológica, por Bartlett (1947), Mahalanobis (1948) e Rao (1952). Nessas técnicas, os indivíduos ou populações são representados como uma constelação de pontos em um espaço multidimensional, cujas dimensões correspondem ao número de características medidas. A similaridade entre os indivíduos é então julgada pela proximidade ou pela distância que eles apresentam nesse hiperespaço. Esssas técnicas são empregadas para fins de separação de grupos morfologicamente similares; na avaliação dos padrões da covariância de caracteres, como tamanho e forma, entre grupos; na avaliação das afinidades intergrupais, e na alocação de indivíduos em grupos pré-existentes (Campbell e Atchley, 1981; Ghaderi, Adams e Nassib, 1984).

Técnicas de análises químicas, como eletroforese, podem ser utilizadas na identificação da variabilidade isoenzimática, distinguindo diferenças nas características bioquímicas dos genótipos e determinando o nível de diversidade genética entre eles. Entretanto, apesar dessas análises determinarem a variabilidade genética com precisão, elas ainda encontram pouca aplicação prática para o melhorista, cujo interesse principal está nos caracteres

quantitativos, que dependem de um grande número de interações gênicas (Bhatt, 1970; Balash et al., 1984).

Bhatt (1970) relata que na escolha de genitores baseada em estudos da capacidade de combinação, surgem dificuldades, como a limitação do número de indivíduos que podem ser avaliados e também com o desempenho da geração F_1, que pode não correlacionar-se com o desempenho da geração F_2. Já os métodos usados para identificar cruzamentos que apresentam segregação transgressiva apresentam limitações quanto ao número de cruzamentos que podem ser avaliados. Outras alternativas seriam os métodos que estudam os genitores como linhas homozigóticas, envolvendo a análise de componentes de produção, a medida da produção e a estabilidade da sua expressão, e a medida da divergência genética. O autor argumenta que existem várias dúvidas quanto à seleção de genitores com base na análise de componentes de produção, e que informações sobre adaptabilidade podem ser conseguidas pela análise de regressão, contudo, isso não mostra necessariamente a divergência genética da população parental.

De acordo com Miranda et al. (1988) e Cruz e Vencovsky (1989), o estudo da divergência genética por meio da análise dialélica requer a avaliação de n genitores e de todas as combinações híbridas possíveis, totalizando n^2 unidades experimentais. No entanto, se o valor de n for elevado, a obtenção do material experimental torna-se impraticável, principalmente em culturas autógamas, onde a obtenção das sementes híbridas é onerosa e difícil.

A utilização de técnicas multivariadas permite ao melhorista que a avaliação do material genético se dê sobre um conjunto de características que combina as múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo que seja possível selecionar materiais promissores, levando em consideração a contribuição e a importância relativa das características para o total da variância existente entre as populações (Oliveira, 1989). Em consequência, estudo da

divergência genética, por meio de métodos multivariados, tem-se difundido entre os melhoristas. Dentre os métodos multivariados, os mais frequentemente empregados são: a análise por componentes principais, quando os dados são obtidos de experimentos sem repetições; análise por variáveis canônicas, quando os dados são obtidos de experimentos com repetições e, por último, os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada. Os dois primeiros métodos normalmente são empregados quando objetiva-se avaliar a similaridade dos indivíduos por meio de uma dispersão gráfica, em um sistema de eixos cartesianos. Já os métodos de agrupamento ou de conglomeração têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de tal forma a existir homogeneidade dentro e heterogeneidade entre subgrupos (Sokal e Sneath, 1963; Mardia, Kent e Bibby, 1979; Johnson e Wichern, 1988).

Além das técnicas biométricas multivariadas, mais recentemente, as informações obtidas por marcadores de DNA têm sido também empregadas para avaliar a diversidade genética. Em geral, os marcadores de DNA têm avaliado a diversidade genética com maior eficiência, em razão da sua maior capacidade em identificar diferenças genéticas entre indivíduos (Ferreira e Grattapaglia, 1996). Por isso, vale ressaltar que essas técnicas estão sendo utilizadas com sucesso, contribuindo para orientação de cruzamentos mais favoráveis, principalmente em soja (Abdelnoor, Barros e Moreira, 1995).

No entanto, todas as técnicas utilizadas na quantificação da diversidade genética apresentam limitações, tais como: as características morfológicas apresentam grande influência do ambiente; o coeficiente de parentesco mede a similaridade por descendência, não levando em consideração a similaridade genética total dos indivíduos (Bered , Barbosa Neto e Carvalho, 1997); já os marcadores moleculares e os isoenzimáticos não estão comprovadamente distribuídos nos grupos de ligação (Ferreira e Grattapaglia, 1996).

Segundo Gizlice, Carter e Burton (1993), a diversidade genética tem sido coincidente com a agronômica, dependendo do número de marcadores, da associação com locos para características quantitativas e do coeficiente de parentesco.

2.2 Métodos multivariados

2.2.1 MANAVA, Distâncias euclidiana e de Mahalanobis

A análise estatística multivariada constitui um conjunto de técnicas que permitem o manuseio simultâneo de dezenas e até centenas de variáveis, de modo a extrair o conteúdo de informação, mesmo nos casos em que não se dispõe, de antemão, de um modelo teórico rigorosamente estruturado a respeito das relações entre essas variáveis. A mesma tem sido difundida e utilizada nas mais diversas áreas de conhecimento (Regazzi, 1998).

Na aplicação das técnicas multivariadas, o primeiro passo é tomar um maior número possível de informações das populações. A partir dessas informações, estima-se a divergência, que é uma medida das diferenças nas frequências alélicas das populações. Infere-se, assim, que a análise multivariada pode fornecer indicação da capacidade de combinação das populações envolvidas com minimização do trabalho de realização dos cruzamentos e do teste dos híbridos (Hussaini, Goodman Filho e Timotthy, 1977; Bartual , Carbonell e Green, 1985).

Várias técnicas multivariadas são utilizadas para descrever a variabilidade existente em um grupo de cultivares e mensurar a divergência genética que possa existir entre as mesmas. Entre elas, destacam-se a distância euclidiana e a distância de Mahalanobis (D^2).

Essas técnicas são utilizadas pelos melhoristas para avaliar a divergência genética entre os genitores (Cruz e Regazzi, 1997). As mesmas são

estatísticas multivariadas, enfatizando as variações de características agronômicas, morfológicas, genéticas e fisiológicas. A partir da distância euclidiana entre os genótipos, procede-se o agrupamento destes em grupos distintos. Assim, os genótipos contidos dentro de um mesmo grupo possuem distâncias menores do que os situados em grupos diferentes, ocorrendo, portanto, maior semelhança genética entre os genótipos de um mesmo grupo do que entre genótipos de grupos distintos.

Um dos inconvenientes apresentados pela distância euclidiana é o fato dela ser alterada com a mudança da escala de medições, com o número de caracteres estudados e não levar em conta o grau de correlação entre os mesmos. No entanto, para contornar o problema da escala, tem sido recomendável a padronização dos dados, e, para contornar a influência do número de caracteres , utiliza-se a distância euclidiana média (Cruz e Regazzi, 1997). Apesar da distância euclidiana média padronizada contornar os problemas inerentes ao número e à escala dos caracteres avaliados, ela apresenta ainda o inconveniente de não levar em consideração as correlações residuais entre os caracteres utilizados. Portanto, a principal vantagem do uso da distância de Mahalanobis (D^2), em relação à distância euclidiana, reside no fato desta última levar em consideração as correlações residuais entre os caracteres. No entanto, para o cálculo da distância de Mahalanobis (D^2), torna-se necessário considerar a existência de distribuição multinormal n-dimensional e a homogeneidade da matriz de covariâncias residuais, obtidas a partir de dados experimentais com repetições. Sendo assim, fica evidente a importância da utilização da distância de Mahalanobis (D^2) em relação à euclidiana, além da sua grande analogia com as outras técnicas multivariadas (Cruz e Regazzi, 1997).

A matriz de covariâncias residuais é normalmente obtida por meio da análise de variância multivariada. Segundo Negrillo e Perre (1987), a análise da variância multivariada é uma generalização da análise de variância univariada e

se aplica a todo tipo de delineamento experimental. A mesma estuda os procedimentos de combinação das múltiplas informações contidas na unidade experimental, levando em consideração a estrutura de covariância entre os caracteres e fornecendo testes poderosos para as hipóteses formuladas, conforme relata Godoi (1985).

Por meio da análise de variância multivariada, é possível testar a hipótese de que o material apresenta divergência genética, considerando a variabilidade total existente nos múltiplos caracteres. Essa técnica tem sido utilizada por alguns pesquisadores visando a avaliação preliminar da existência de variabilidade genética, existente entre os materiais. Cruz (1990), em milho; Rao et al. (1981), em arroz; Viana (1991), com clones de cana e Abreu (1997), em feijão. Normalmente, o critério de Wilks citado por Jonhson e Wichern (1988) e MANAVA, tem sido utilizado predominantemente entre os testes existentes, para verificar diferenças significativas entre os materiais avaliados.

Uma questão a considerar é quantos e quais caracteres devem ser avaliados entre os pais. Ferreira (1993), em milho, relata que dos dezenove caracteres, apenas três foram considerados redundantes, sendo que os dezesseis remanescentes demonstraram grande importância para a variabilidade global, comprovada pelos coeficientes de correlações com as variáveis canônicas principais.

2.2.2 Análise de agrupamento

A análise de agrupamento constitui uma metodologia numérica com o objetivo de propor uma estrutura classificatória ou do reconhecimento da existência de grupos, e o seu resultado final é um gráfico em forma de árvore denominado dendrograma, de grande utilidade para a classificação, comparação e discussão de agrupamentos biológicos (Regazzi, 1998).

O processo de agrupamento, segundo Cruz (1990), envolve basicamente duas etapas, sendo que a primeira consiste na estimação de uma medida de dissimilaridade entre os indivíduos a serem agrupados. A Segunda emprega a adoção de uma técnica de agrupamento visando a formação dos grupos.

Neste contexto, para n indivíduos, são estimadas n(n-1)/2 medidas de dissimilaridade. Quando n é elevado, o reconhecimento de grupos homogêneos pela simples observação do conjunto de estimativas disponíveis torna-se difícil ou impraticável. Daí surge, então, a necessidade de recorrer aos métodos de agrupamento, que reúnem em grupos definidos os indivíduos semelhantes quanto ao conjunto de características avaliadas.

De acordo com Johnson e Wichern (1988), o agrupamento é feito baseado na similaridade ou dissimilaridade, normalmente designadas por distâncias multivariadas. Várias medidas de dissimilaridade e similaridade são utilizadas, havendo, portanto, grande subjetividade na sua escolha. No entanto, devem ser consideradas a natureza das variáveis (discretas, contínuas e binárias) e as escalas de medidas. Entre as dissimilaridades, as mais comuns, utilizadas nas análises de agrupamento, são as distâncias de Mahalanobis e euclidiana, conforme já mencionado.

Sendo assim, um fato importante na escolha da medida de dissimilaridade a ser adotada é a correlação residual entre os caracteres. Contudo, quando há correlações residuais significativas entre os diversos caracteres, é desaconselhável a utilização da distância Euclidiana, dando-se preferência, neste caso, para a distância generalizada de Mahalanobis (D^2). No entanto, há necessidade de distribuição normal multidimensional para o cálculo da distância de Mahalanobis (D^2), porém, já foi demonstrado robutez para violação dessa hipótese, conforme relatam Cruz (1990) e Cruz e Regazzi (1997).

Os métodos de agrupamento mais comuns são os hierárquicos, que baseiam-se no princípio de que, com n cultivares, inicia-se a formação de n

grupos, cada um contendo um único indivíduo. A partir da combinação de dois cultivares mais similares, ou seja, de menor distância, originam-se n-1 grupos. Os grupos remanescentes são combinados para originar n-2 grupos, e assim por diante, até ocorrer apenas um único grupo contendo os n cultivares. Este tipo de agrupamento, quando a distância entre dois grupos é definida como a menor distância entre pares de cultivares, tomados de cada grupo, é denominado método do vizinho mais próximo. Contudo, se a distância entre dois grupos é definida como a máxima distância entre pares de cultivares, tomados de cada grupo, o método de agrupamento é denominado do vizinho mais distante. Porém, existem outros métodos como o da ligação média, e entre os métodos não hierárquicos destaca-se o do centróide mais próximo. De uma maneira geral, os métodos hierárquicos podem ser designados como: aglomerativos, como aqueles que procedem uma série de sucessivas fusões; e os divisíveis, são aqueles que sofrem uma série de sucessivas divisões (Johsnson e Wichern, 1988).

Normalmente, a análise de variância pode ser utilizada no agrupamento, devido à simplicidade de cálculo e a sua utilidade nos testes de significância de Scott e Knott (1974). A sua utilização como método de agrupamento obedece ao seguinte critério: os cultivares são divididos em dois grupos compactos e o processo é repetido continuamente até que um dendrograma seja formado. A divisão maximiza a soma de quadrados entre grupos e minimiza a soma de quadrados dentro de grupos, utilizando-se a matriz de dissimilaridade entre os n genótipos (Edwards e Cavalli-Sforza, 1965).

Os métodos de agrupamento têm sido utilizados por diversos autores, visando o estudo da divergência genética; no entanto, alguns criticam os experimentos instalados em apenas um ambiente, devido à sensibilidade dos genótipos ou cultivares às variações das condições ambientais. Utilizando-se mais de um ambiente, em alguns casos não se encontrou consistência dos

cultivares, sendo este fato esperado, devido às estimativas serem provenientes de caracteres quantitativos, os quais estão sujeitos à interação genótipos por ambientes, conforme relatam alguns autores, entre eles Jain, Bhagat e Tiwart (1981). Contudo, existem relatos de consistência no agrupamento dos cultivares, conforme relatam Bhatt (1976), Dias e Kajeyama (1997a) e Silva (1999). Em um determinado ambiente, a manifestação fenotípica é o resultado da ação do genótipo sob influência do meio. E as causas da interação têm sido atribuídas a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada genótipo cultivado. Todavia, conhecendo as esperanças dos quadrados médios, os componentes de variância, associados aos efeitos aleatórios, e os componentes, quadráticos, associados aos efeitos fixos, são facilmente estimados. E com a estimação destes componentes o melhorista tem interesse nos testes de significância, e, para isto, as expressões das esperanças dos quadrados médios E(QM) são de grande utilidade, por indicar, para determinadas hipóteses, qual o denominador apropriado para o teste de F (Cruz e Regazzi, 1997).

Conforme Sokal e Sneath (1963) existem vários métodos de agrupamentos, sendo os mais utilizados no melhoramento de plantas os hierárquicos e os de otimização. Com relação aos hierárquicos, os indivíduos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, estabelecendo-se um dendrograma, sem se preocupar com o número ótimo de grupos. Segundo Cruz (1990), as delimitações dos grupos podem ser definidas por meio de exame visual do dendrograma, quando o objetivo concentra-se em detectar os pontos de alta mudança de nível. Ao efetuar cortes nesses pontos do dendrograma, estabelecem-se os grupos e os números de indivíduos de cada grupos.

Já nos métodos de otimização, os grupos são estabelecidos, otimizando-se determinado critério de agrupamento, e sua diferença, com relação aos hierárquicos, reside no fato dos grupos formados serem mutuamente exclusivos Riboldi (1986), Cruz, Sediyama e Sediyama (1987). No método de otimização

de Tocher, por exemplo, adota-se o critério de manter a distância média intragrupo sempre inferior a qualquer distância intergrupos (Rao, 1952).

2.3 Dialelo

Um sistema de cruzamentos dialélicos corresponde ao intercruzamento de n materiais, dois a dois, produzindo n^2 combinações possíveis, que correspondem aos n materiais, n(n-1)/2 híbridos simples e n(n-1)/2 recíprocos dos híbridos simples, totalizando, uma tabela dialélica completa (Ramalho; Santos e Zimmermann, 1993). Entre os vários de métodos de análise dialélica, destacam-se quatro métodos, sendo eles: método 1, nos quais são incluídas as linhagens paternais, os híbridos F_1 e seus recíprocos; no método 2, estão incluídas as linhagens paternais e os híbridos F_1, faltando seus recíprocos ; com relação ao método 3, são incluídos os híbridos F_1 e seus recíprocos, faltando as linhagens paternais; e finalmente, no método 4, são incluídos apenas os híbridos F_1, faltando tanto os recíprocos como as linhagens paternais.

Todavia, a utilização dos vários métodos de análise de cruzamentos dialélicos depende do material experimental e dos objetivos do trabalho (Griffing, 1956). Quando se deseja informações sobre CGC e CEC para um grupo determinado de linhagens, os métodos 3 e 4 são mais aplicáveis. Contudo, em vegetais, quando não existem efeitos recíprocos, o método 4 é o mais adequado, especialmente quando se utiliza um grupo escolhido de linhagens e o interesse concentra-se sobre o desempenho dos híbridos F_1's. Sendo assim, as linhagens não precisam ser incluídas (Griffing, 1956).

O termo capacidade geral de combinação "CGC" refere-se ao desempenho médio de uma linhagem em combinações híbridas. Já a capacidade específica de combinação "CEC" é usada para designar aqueles casos nos quais certas combinações se mostram relativamente melhores ou piores do que poderia

ser esperado com base no desempenho médio das linhagens envolvidas (Sprague e Tatum, 1942). Entre os parâmetros estimados no dialelo (Griffing, 1956), a capacidade geral de combinação (CGC) está predominantemente associada aos efeitos aditivos dos genes, e a mesma mede o comportamento médio dos genitores em combinações híbridas. Sendo assim, pode-se afirmar que os genitores que apresentam as mais altas estimativas de CGC deverão ser preferidos em programas de melhoramento, quando o objetivo for obter novas populações onde se pretende selecionar fenótipos superiores. Contudo, a capacidade específica de combinação (CEC) está associada aos efeitos não aditivos dos genes, indicando, portanto, efeitos de dominância e interações epistáticas e a mesma refere-se ao comportamento de dois genitores cruzados entre si, ou seja, ela mede o grau de complementação alélica (Griffing, 1956).

Por meio do dialelo, podem ser estimados parâmetros que dependem da heterose dos cruzamentos, como a capacidade específica de combinação (Griffing, 1956; Abreu, 1997), que dão idéia da variabilidade a ser liberada nas populações segregantes (Oliveira, 1995).

Um outro enfoque é identificar qual caráter deve ser mensurado nos híbridos para se estimar as capacidades de combinação e posteriormente correlacionar com as distâncias multivariadas (Ferreira, 1993). No entanto, quase sempre o caráter preferido tem sido produção de grãos. Esse caracter é tipicamente quantitativo e apresenta associação com a maioria dos demais caracteres da planta. Como a medida de divergência é realizada envolvendo um grande número de caracteres, tem-se assim, maior chance de encontrar boa correspondência com a capacidade de combinação.

2.4 Restrições ao uso do dialelo

Existem várias críticas sobre a validade das conclusões obtidas a partir de análises de dados por meio de um método dialélico. Com relação aos modelos dialélicos, várias restrições são impostas e devem ser obedecidas pelos dados experimentais. Em caso contrário, as estimativas ficam tendenciosas. No caso específico do feijoeiro, algumas restrições são, em geral, atendidas, como parentais homozigotos e segregação diplóide. No entanto, outras são dificilmente atendidas, como a distribuição independente dos genes nos genitores e ausência de epistasia (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

Nas autógamas, uma das maiores críticas se refere à suposição de que os genitores de um dialelo possam representar uma amostra de uma população para natureza dos efeitos, sobre a qual conclusões possam ser extrapoladas. Entretanto, quando o objetivo é a avaliação dos componentes de médias das populações, tal restrição deixa de existir.

Outra restrição é o emprego da F_2 ou de gerações mais avançadas para o estudo por meio de dialelos, principalmente porque diferentes populações F_2 não apresentam as mesmas segregações, além de requererem a avaliação de uma população grande de cada uma delas (Arunachalam, 1981). No entanto, existem controvérsias sobre essas críticas, uma vez que o emprego da F_2 é considerado mais favorável por trabalhar com um maior número de plantas de cada F_2 (Mather e Jinks, 1971) e, até mesmo, para estimar heterose, pelo fato das maiores populações F_2 poderem ser conduzidas na densidade da cultura, fornecendo assim estimativas mais reais (Gardner e Eberhart, 1966).

Outro aspecto favorável ao emprego da F_2 é a possibilidade de estimar a variabilidade genética dentro de cada uma, o que constitui grande auxílio na distinção das populações de médias semelhantes.

Por outro lado, existem testes que indicam se os dados experimentais se ajustam às restrições impostas modelos do dialelo (Hayman, 1954). Porém, há indicações de que os efeitos dos fracassos parciais de algumas suposições em que se baseiam os modelos dialélicos não alteram, de modo significativo, as conclusões sobre a análise genética (Hayman, 1960; Crumpacker e Allard, 1962).

2.5 Associação entre divergência genética de genitores e desempenho da progênie híbrida

A divergência genética pode ser avaliada por meio de métodos preditivos, ou quantificada por meio da realização de cruzamentos. Os métodos preditivos, se eficientes, são preferíveis em relação aos métodos quantitativos, uma vez que os primeiros evitam a realização de cruzamentos entre os inúmeros genitores disponíveis, para iniciar o programa de melhoramento (Cruz e Regazzi, 1997). A estimativa de correlações entre heterose da produção nos híbridos F_1s e as distâncias multivariadas entre os genitores correspondentes, para sua utilização como preditores do comportamento híbrido, foram realizadas por vários pesquisadores. Entre eles, destacam-se Maluf e Ferreira (1983), em tomate, que encontraram correlações de 0,81 e 0,89 para as distâncias euclidiana e de Mahalanobis, respectivamente, com a heterose da produção, mostrando que esta técnica pode ser utilizada de forma eficiente para este estudo.

Embora a divergência genética seja uma condição necessária para que haja heterose, a mesma não é suficiente para garantir sua ocorrência, pois esta depende da magnitude das diferenças de frequências alélicas e da dominância para todos os locos envolvidos (Cress, 1966).

Vários autores têm encontrado correlações positivas entre a divergência de genitores e os efeitos de capacidade de combinação. Entre eles, destacam-se:

Arunachalan et al. (1984), em amendoim; Gupta, Sekhon e Satija (1991), em mostarda e Dias e Kageyama (1997b), em cacau.

No entanto, o mesmo resultado não foi observado por outros autores, entre eles: Ferreira (1993), em milho, que verificou que o cultivar mais divergente, em relação aos demais, apresentou baixa capacidade de combinação; Chaudhary e Singh (1975), trabalhando com cevada e Ghaderi, Adams e Nassib (1984), em *Vicia Faba*, não encontraram correlações significativas entre heterose da produção e a divergência genética. Também, Abreu (1997) e Duarte (1998), em feijão, encontraram correlações baixas entre heterose da produção e divergência genética e citam, como causas deste resultado, a pequena variação da CEC. Enfatizaram, entretanto, que os genitores empregados no estudo não eram adaptados, resultando em variações fenotípicas de vários caracteres não correlacionados com a produção.

No entanto, Cruz, Carvalho e Vencovsky (1994a) afirmaram que é possível predizer a média das combinações híbridas, com base na divergência genética obtida por análise multivariada de características fenotípicas, principalmente para características de rendimento de grãos ou frutos.

Miranda, Cruz e Costa (1988) citaram que, para produção total de frutos de pimentão encontraram valor de 0,43 para a correlação entre diversidade genética dos genitores e a média dos híbridos, e de 0,11 entre essa diversidade e heterose. Smith e Smith (1989) encontraram correlação de 0,35 entre distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e a média da produção de grãos em milho, e de 0,24 entre distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e heterose. Já Cruz, Carvalho e Vencovsky (1994b) encontraram, em milho, correlação de 0,79 entre D^2 e a média de produção e de 0,56 entre D^2 e heterose.

No entanto, Ghaderi, Adams e Nassib (1984) afirmaram que a correlação entre D^2 e as características fenotípicas pode ser positiva, nula, ou negativa. Segundo os mesmos autores, a correlação positiva indica a existência

da dominância e a diferença nas frequências alélicas dos genótipos, consequentemente, ambas podem aumentar à medida que os genitores tornam-se mais distantes. No entanto, para correlações nulas, os mesmos autores afirmam que as características, sendo controladas, exclusivamente por efeitos aditivos, fazem com que o desvio do heterozigoto, em relação à média dos genitores, seja igual a zero, ou a expressão da heterose não seja previsível e, ainda, os efeitos de dominância se anulem. Com relação às correlações negativas, os mesmos afirmam que as razões são semelhantes à correlação positiva, sendo que a correlação negativa indica a existência da dominância e a diferença nas frequências alélicas dos genótipos, com efeitos de dominância negativos.

Percebe-se que estudos da associação de divergência genética e capacidade de combinação têm sido realizados com genótipos comerciais e não comerciais, caracterizando a base genética ampla. No entanto, estudos voltados para o mesmo assunto, porém utilizando cultivares com base genética estreita como no caso da soja (Miranda, 1998), assim como da cultura do feijoeiro, são escassos na literatura.

2.6 Marcadores RAPD e divergência genética

Ferreira e Grattapaglia (1996) definem marcador genético como todo e qualquer fenótipo decorrente de um gene expresso, no que se refere a proteínas e caracteres morfológicos, ou de um segmento específico de DNA, neste caso correspondendo a regiões expressas ou não do genoma, cuja sequência e função podem ou não ser conhecidas, e que possui comportamento de acordo com as leis básicas de herança.

Vários são os tipos de marcadores que podem ser utilizados em diversas espécies de plantas, sendo eles: morfológicos, citológicos, bioquímicos e moleculares. Com relação aos marcadores morfológicos, Ferreira e Grattapaglia

(1996) destacam que os mesmos contribuem de forma significativa para o desenvolvimento teórico da análise de ligação gênica e para construção de mapas genéticos. Contudo, a obtenção destes é um processo demorado, pois os mesmos, além de dependerem do desenvolvimento da planta, podem ser afetados pelo ambiente, sem levar em consideração seu número que, na maioria das vezes, é limitado.

Com relação ao uso de marcadores citológicos, estes podem alterar o fenótipo da planta, produzindo indivíduos que não podem ser utilizados, sendo também difíceis de serem monitorados em cruzamentos e, por isso, de uso menos difundido (Hu e Quiros, 1991).

Já as proteínas e enzimas têm sido utilizadas para estudar a variação genética existente tanto em plantas como em animais. Segundo Muniz (1994), as proteínas e enzimas têm sido úteis nos estudos de genética e melhoramento de plantas, com aplicações, entre outras, nas áreas de genética de populações, na identificação de cultivares e na genética evolutiva. Por outro lado, devido ao seu número limitado e baixo nível de polimorfismo exibido em algumas espécies, os marcadores bioquímicos têm sido gradualmente substituídos por marcadores que detectam polimorfismo diretamente na molécula de DNA, conhecidos como marcadores moleculares.

Marcadores de DNA, por sua vez, têm sido amplamente explorados por apresentarem várias características desejáveis, como herança mendeliana simples e ausência de efeitos epistáticos. Além disso, podem ser obtidos em grande número e, por utilizar o próprio DNA (genótipo) e não os seus produtos (fenótipos), apresentam resultados experimentais mais consistentes (Ferreira e Grattapaglia, 1996).

Atualmente existem vários tipos de marcadores de DNA. Inicialmente, a utilização de enzimas de restrição permitiu a análise de polimorfismo de comprimento de fragmentos de restrição de DNA ("Restriction Fragment

Length Polymorphism"- RFLP). Mais recentemente, o desenvolvimento do processo de amplificação em cadeia, utilizando a DNA polimerase (PCR) (Mullins e Faloona, 1987; Saiki et al., 1987), levou à descrição de outras classes de marcadores moleculares, como o polimorfismo de DNA amplificado ao acaso ("Random Amplified Polymorphic DNA" - RAPD), desenvolvido por (Williams et al., 1990). Outros marcadores que estão sendo utilizados, com os mais variados objetivos, são os baseados em locos hipervariáveis de microsatélites e também no polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados ("Amplified Fragment Length Polymorphism"- AFLP) (Zabeau, 1993).

Segundo Ferreira e Grattapaglia (1996), os marcadores RAPD são os de maior potencialidade em melhoramento genético de plantas, principalmente devido a sua facilidade de utilização, rapidez, versatilidade e baixo custo. Esse tipo de marcador possibilita gerar grande número de informações em curto tempo e por um custo acessível, possibilitando sua fácil utilização na maioria dos programas melhoramento, sendo, portanto, ferramenta útil, acessível e de fácil aplicabilidade.

O polimorfismo é identificado como um fragmento de DNA amplificado a partir de um indivíduo e não amplificado a partir do outro. Este fragmento apresenta herança mendeliana simples. Quase todos os marcadores RAPD são dominantes (Ferreira e Grattapaglia, 1996).

Comparados aos RFLPs, os marcadores RAPDs apresentam várias desvantagens, entre as quais a possível falta de repetibilidade dos resultados, dominância e baixo número de alelos identificados para cada loco (apenas dois), falta de homologia entre genomas de espécies relacionadas e falta de especificidade para regiões particulares do genoma (Kesseli, Paran e Michelmore, 1992).

2.7 Aplicações dos marcadores em estudo da divergência genética

No estudo de diversidade genética de *P. vulgaris* L., Vasconcelos et al. (1996) utilizaram vinte e oito cultivares de feijão comum, visando a identificação dos mesmos por meio do tipo de faseolina e utilizando RAPD. Eles constataram que a análise multivariada agrupou os cultivares em dois grupos distintos e possibilitou a distinção mais precisa dos cultivares de cada grupo e entre grupos.

Helms et al. (1997) estimaram a variância genética, coeficiente de parentesco e distância genética de seis populações de soja. Eles concluíram que a distância genética não está associada com coeficiente de parentesco, e que medidas de distância genética, obtidas com marcadores RAPD, não são um bom indicativo de variância para produção das seis populações, assim como o coeficiente de parentesco não é um bom preditor da variância genética para população derivada de cruzamentos biparentais. Resultados semelhantes foram obtidos por Cerna et al. (1997), quando associou produção de grãos de soja e heterose com a distância genética estimada por meio de AFLP. Por outro lado, Manjarrez-Sandoval et al. (1997) avaliaram estimativas de similaridade genética e coeficiente de parentesco em soja usando RFLP. Eles concluíram que o coeficiente de parentesco pode ser usado como medida de similaridade genética, quando ocorrer cruzamento entre genitores com grande parentesco, ou senão quando estimativas de similaridade genética baseadas em RFLP forem maiores que 75%, sendo o caráter produção o principal critério a ser usado.

Duarte (1998) avaliou a divergência genética de 27 cultivares de feijão de diferentes raças, usando marcadores RAPD, e verificou ainda o grau de associação desta divergência com algumas estimativas indiretas de variabilidade obtidas em experimentos de campo. O autor concluiu que os marcadores RAPD foram eficientes na separação dos cultivares, de acordo com os centros de

origem; a divergência genética, por meio destes marcadores, forneceu resultados similares aos obtidos a partir de características morfo-agronômicas. No entanto, os mesmos não foram eficientes na predição da capacidade específica de combinação e da heterose dos cruzamentos.

Correlações entre distância determinada por marcador molecular e desempenho de híbrido de arroz foram avaliadas por Maroof et al (1997), a partir de um dialelo. Os autores concluíram que as correlações, em geral, dos marcadores com desempenho dos F_1s e heterose são, na maioria das vezes, baixas.

Por outro lado, Ajmone Marsan et al. (1998) relataram estudo da diversidade genética e sua associação com a produção de grãos e de híbridos em milho, revelado por marcadores RFLP e AFLP. Eles constataram que as correlações foram positivas, embora tenham considerado pouco úteis como valor predito; já os dendrogramas das distâncias, baseados em dados de RFLP e AFLP, foram concordantes. Os autores destacaram, ainda, que os marcadores podem ser úteis na escolha dos genitores divergentes. Resultados similares foram obtidos por Lee, Godshalk e Lamkey (1989); Godshalk, Lee e Lamkey (1990) e Melchinger et al. (1990). Correlações positivas também foram encontradas entre distância genética de parentais com heterose nos híbridos, e foram reportadas por Smith et al (1990). Por outro lado, Prasad e Singh (1986) não encontraram associação entre heterose e divergência genética entre dez variedades de milho.

Chowdari et al. (1998) estudaram o desempenho do híbrido e distância genética revelado pelos marcadores microsatélites e RAPD em milheto. Os mesmos concluíram que os marcadores podem ser úteis no agrupamento de parentais, mas não para predição de combinações heteróticas.

2.8 Importância da variabilidade genética no feijão

Segundo Nienhuis e Singh (1988), o aumento do potencial produtivo dos cultivares de feijão (*P. vulgaris* L.) tem sido baixo e gradual, apesar da ampla variação existente na maioria dos caracteres, inclusive na produtividade de grãos. A exigência do mercado consumidor por cultivares com grãos tipo carioca reduz muito a fonte de germoplasma a ser utilizada, limitando a variabilidade genética disponível aos programas de melhoramento.

A utilização de materiais semelhantes ficou mais evidenciada após Singh (1988 e 1989) agrupar o germoplasma de feijão em doze conjuntos gênicos. Posteriormente, Singh, Gepts e Debouck (1991) reagruparam em seis raças. Assim, ficou claro que os melhoristas têm realizado as suas hibridações envolvendo materiais de um único conjunto gênico. A variabilidade para produtividade de grãos, seus componentes primários e outros caracteres agronômicos são maiores entre os conjuntos gênicos do que dentro de cada um (Singh, 1988). Assim, a utilização dos cruzamentos de genitores de diferentes conjuntos gênicos aumenta a probabilidade de se encontrar combinações genotípicas com maior potencial produtivo e estabilidade de produção. O autor relata que cruzamentos realizados entre conjuntos gênicos do mesmo centro de origem, e com hábito de crescimento e tamanho de sementes semelhantes, possuem maior frequência de recombinantes desejáveis.

No entanto, populações provenientes de genitores de grupos gênicos diferentes nem sempre são adaptadas, ou possuem fenótipos indesejáveis, dificultando a seleção de linhagens promissoras. Por outro lado, cruzamento de genitores adaptados assegura a obtenção de linhagens superiores, embora as populações segregantes apresentem menor variabilidade (Abreu, 1997).

2.9 Escolha de genitores

O sucesso de um programa de melhoramento depende da escolha de genitores potencialmente capazes de gerarem genótipos superiores. Isto é obtido quando se alia uma alta média e uma ampla variabilidade genética para o caráter a ser selecionado.

Normalmente, no melhoramento por hibridação, o objetivo principal é a associação, em um mesmo indivíduo, de dois ou mais fenótipos favoráveis que estão presentes em linhagens diferentes. Portanto, realizando cruzamento entre esses indivíduos, é gerada uma população com variabilidade genética suficiente, na qual será praticada seleção, visando a obtenção de uma ou mais linhagens que reunam os fenótipos de interesse (Allard, 1971; Fehr, 1987). Contudo, para atingir esse objetivo, o melhorista se depara com algumas dificuldades, entre elas: o critério a ser utilizado na seleção dos genitores a serem cruzados; como realizar as hibridações e, por último, qual o processo empregado na condução das populações segregantes . Daí infere-se que uma das etapas mais importantes de um programa de melhoramento é a escolha dos genitores para hibridação. O sucesso do programa está diretamente relacionado com a escolha criteriosa dos genitores a serem cruzados, pois qualquer erro nesta etapa comprometerá todo o processo. Isto, porque o processo de melhoramento é longo e se os genitores forem escolhidos de maneira equivocada, acarretará em perdas de tempo e de recursos. Sendo assim, a escolha dos genitores é uma das etapas que demanda o emprego de metodologias que tornem o processo mais eficiente. Além disso, essa decisão depende dos caracteres a serem melhorados, do controle genético dos mesmos e da fonte de germoplasma disponível.

A escolha criteriosa dos genitores permite que os esforços dos melhoristas concentrem-se naquelas populações segregantes, potencialmente

capazes de fornecer progênies superiores, traduzindo-se em maior eficiência do programa.

Nos processos de escolha, os parentais podem ser agrupados nos que utilizam apenas as informações dos próprios genitores ou nos que utilizam comportamento das suas progênies (Baezinger e Peterson, 1991).

Entre os métodos de escolha dos genitores que utilizam o seu próprio desempenho, o mais empregado é a média para o caráter em questão. Isto porque, no controle da maioria dos caracteres do feijoeiro, existe predominância da ação aditiva (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). No entanto, apesar de muito utilizado, este método tem como desvantagem a não previsão da variabilidade genética a ser liberada, ou seja, o fato de dois pais apresentarem média alta não é condição suficiente, por si só, para que a população resultante apresente variabilidade suficiente para a obtenção de sucesso com a seleção. Normalmente isto acontece devido ao fato de que pais superiores podem apresentar constituições genéticas semelhantes, consequentemente a população híbrida resultante apresentará poucos locos segregantes, resultando em pouca eficiência com a seleção.

Para superar esses problemas, pode-se utilizar a estimativa do grau de parentesco entre os pais envolvidos (Murphy, Cox e Rodgers, 1986) ou utilizar métodos multivariados para avaliar a divergência genética (Cruz e Regazzi, 1997). Com relação aos métodos multivariados, pressupõem-se que quanto maior a divergência genética maior será a variação a ser observada na descendência. Esse processo tem sido amplamente utilizado em várias espécies, conforme relatos de vários pesquisadores (Ferreira, 1993; Cruz e Regazzi, 1997). Normalmente, estas metodologias são empregadas porque é esperado que o grau de parentesco e a divergência genética forneçam informações sobre o grau de complementariedade dos genitores envolvidos nos cruzamentos, assim como do nível de variação da população segregante.

A estimativa da distância genética baseada em dados genealógicos apresenta utilidade restrita, pois, na maioria dos casos, os materiais apresentam genealogia desconhecida, impossibilitando o seu estudo por meio desse método (Moll et al., 1965, Triller, 1994). Toledo (1992) avaliou a divergência genética em soja utilizando o coeficiente de parentesco de Malécot. Contudo, este método mede apenas a similaridade por descendência, não considerando a similaridade genética total dos indivíduos (Bered , Barbosa Neto e Carvalho, 1997). O que se observa é que linhagens com maiores médias e baixos coeficientes de parentesco podem ser úteis em cruzamentos (Baenziger e Peterson, 1991). Este método, no entanto, não fornece informações sobre o controle genético do caráter.

A capacidade específica de combinação ou a heterose pode ser predita relacionando as diferenças fisiológicas, morfológicas e agronômicas dos genitores com o desempenho dos híbridos. Essas diferenças caracterizam a divergência genética, que é avaliada por medidas de similaridade ou dissimilaridades, com base em múltiplas características avaliadas dos cultivares/linhagens. As medidas de dissimilaridades mais utilizadas são: a distância euclidiana e distância de Mahalanobis (D^2) (Ghaderi , Adams e Nassib, 1984; Bryant e Meffert, 1990; Cruz e Regazzi, 1997).

A distância genética pode também ser obtida por marcadores de DNA, proteína e isoenzimas, com a vantagem de detectar divergências genéticas diretamente no DNA ou em seus produtos , em genótipos de origem desconhecida e de plantas morfologicamente indistinguíveis, sem a necessidade de avaliação experimental dos genitores (Triller, 1994). Entretanto, essas técnicas podem utilizar extensas porções do genoma não codificadas, levando a resultados pouco correlacionados com a divergência encontrada pela análise dos caracteres de importância econômica.

Outros métodos também muito utilizados para a escolha dos genitores são aqueles que se baseiam no desempenho de suas progênies. Entre eles,

destacam-se os dialelos, o método de Jinks e Pooni (1976) e o método da estimativa de "m+a" (Vencovsky, 1987), em que m é a média geral e a representa a soma algébrica dos locos fixados com alelos favoráveis ou desfavoráveis nos dois pais.

Embora os cruzamentos dialélicos sejam um método que permite a escolha das populações segregantes, sua principal limitação está na realização das hibridações, sobretudo quando estão envolvidos grande número de parentais, onde os cruzamentos são difíceis e produzem um número reduzido de sementes, como ocorre, com frequência, na cultura do feijoeiro. Além disso, a variabilidade liberada dentro dos cruzamentos, quando predomina o efeito aditivo dos genes, é desconhecida e não pode ser prevista por meio de parâmetros do dialelo (Veiga e Nunes e Santos, 1998). Usando análise dialélica, Lopes (1984) evidenciou que a variância aditiva foi o principal componente da variação genética dos componentes de rendimento em arroz de sequeiro.

No caso da ocorrência de interações não aditivas, a heterose, em geral, é correlacionada com a variabilidade das populações (Oliveira, 1995; Abreu, 1997; Veiga, Nunes e Santos, 1998). Nesse contexto, são úteis os procedimentos dialélicos que estimam parâmetros que identificam a heterose das populações, como os de Griffing (1956) e Gardner e Eberhart (1966). Além disso, esses métodos estimam também parâmetros que dependem dos efeitos aditivos e, portanto, identificam as populações que possuem maiores proporções de alelos favoráveis.

Entretanto, os dialelos não permitem obter informações sobre média e variância das populações segregantes, simultaneamente. Uma alternativa é o procedimento de Jinks e Pooni (1976), pois ele estima a probabilidade de se obter linhagens superiores a um padrão na geração $F\infty$, considerando a média e a variância das gerações iniciais. Essa metodologia foi utilizada por Triller (1994), em soja e por Otubo, Ramalho e Abreu (1996) e Abreu (1997), em feijão.

Entretanto, há poucos relatos, na literatura, de sua aplicação, pois este método, além de exigir a estimativa da variância genética das primeiras gerações segregantes, depende de avaliações trabalhosas e, em geral, imprecisas.

Vencovsky (1987) cita que, na escolha de parentais, pode-se utilizar também a estimativa de "m+a", que corresponde à média geral mais o somatório da contribuição dos locos em homozigose nos genitores, em relação a essa média. Por outro lado, a estimativa de m+a também não informa sobre a variabilidade a ser liberada pelas populações segregantes, embora permita identificar aquelas com maior frequência de alelos favoráveis. Em algumas oportunidades, ela foi empregada no feijoeiro (Oliveira, 1995 e Abreu, 1997).

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDELNOOR, R.V.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Determination of genetic diversity brazilian soybean germplasm using random amplified polymorphic DNA technique and comparative analyses with pedigree data. **Revista Brasileira de Genética,** Ribeirão Preto,v.18,n,3,p.265-273, 1995.

ABREU, A. de F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais.** Lavras:UFLA, 1997. 79 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

AJMONE MARSAN, P.; CASTIGLIONI, P.; FUSARI, F. et al. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.96,n.2,p.219-227, Feb. 1997.

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético de plantas.** Rio de Janeiro: Edgard Blucher, 1971. 379 p.

ARUNACHALAM,V. Genetic distance in plant breeding. **Indian Journal of Genetic and Pant breeding,** New Delhi, v.41,p.226-234, 1981.

ARUNACHALAM, V.; BANDYOPADHYAY, A. Limits to genetic divergence for occurrence of heterosis-experimental evidence and from crop plants. **Indian Journal Genetic Plant Breeding,** New Delhi, v.44,n.3,p.548-554, 1984.

BAENZIGER, P.S.; PETERSON, C.J. Genetic variation: Its origin and use for breeding self-pollinated species. In: STALKER, H.T.; MURPHY, J.P. **Plant Breeding in the 1990's.** Raleigh: North Carolina State University, 1991.p.69-100.

BALASH, S.; NUEZ, F.; PALOMARES, G. et al. Multivariate analysis appllied to tomato hybrid production. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, n.69,p.39-51, 1984.

BARTLETT, M.S. The general canonical correlation distribuition. **Annals of Mathematical and Statistics,** n.18,p.1-17, 1947.

BARTUAL, R.; CARBONELL, E.A.; GREEN, D.E. Multivariate analysis of collection of soybean cultivars for southwestern Spain. **Euphytica,** Wageningen, v.34,p.113-123, 1985.

BERED, F.; BARBOSA NETO, J.F.; CARVALHO, F.I.F. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento de plantas. **Ciência Rural,** Santa Maria, v.27,n.3,p.513-520, 1997.

BHATT, G.M. Multivariate analysis approacha to selection of parents for hybridization at yield imporvement in self-pollinated crops. **Australian Journal of Agriculture Research,** Melbourne.v.21,p.1-7, 1970.

BHATT, G.M. An application of multivariate analysis to selection for quality characters in wheat. **Australian Journal of Agriculture Research,** Melbourne. n.27,p.11-18, 1976.

BRYANT, E.H.; MEFFERT, L.M. Multivariate phenotypic differentiation among bottleneck lines of the housefly. **Evoluttion,** Lawrence, v.44,n.33,p.660-608, 1990.

CAMPBELL, N.A.; ATCHLEY, W.R. The geometry of canonical variate analysis. **Syst. Zool.**, v.30,n.3,p.268-280, 1981.

CERNA, F.J.; CIANZIO, S.R.; RAFALSKI, A. et al. Relationship between seed yield heterosis and molecular marker heterozygosity in soybean. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v.95,n.1,p.460-467, July 1997.

CHAUDHARY, B.D.; SINGH, V.P. Genetic divergence in some Indian and exotic barley varieties and their hybrids.**The Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v.35,n.3,p.409-413, 1975.

CHOWDARI, K.V.; VENKATACHALAM, S.R.; DAVIERWALA, A.P. et al. Hybrid performance and genetic distance as revealed by the $(GATA)_4$ microsatellite and RAPD markers in pearl millet. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v.97,n.1p.163-169, July 1998.

CRESS, C.E. Heterosis of hybrid related to gene frequence differences between two populations. **Genetics,** Austin, v.53,n.2,p.269-274,Feb. 1966.

CRUMPACKER, D.W.; ALLARD, R.W. Diallel cross analysis of heading date in wheat. **Hilgardia,** v.32, p.275-319, 1962.

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas.** Piracicaba: ESALQ/USP, 1990. 188 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

CRUZ, C.D.; CARVALHO, S.P.; VENCOVSKY, R. R. Estudos sobre divergência genética. I. Fatores que afetam a predição do comportamento de hibridos. **Revista Ceres,** Viçosa v.41,n.234,p.178-182, jan. 1994a.

CRUZ, C.D.; CARVALHO, S.P.; VENCOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética. II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres,** Viçosa, v.41,n.234,p.183-190, jan. 1994b.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa:UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, C.D.; SEDIYAMA,C.S,; SEDIYAMA,T. Capacidade combinatória e efeitos recíprocos de algumas características em soja [Glyciene max (L) Merril]. **Revista Ceres,** Viçosa, v.34,n.194,p.432-439, jan. 1987.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética,** Ribeirão Preto, v.12,n.3,p.425-438, 1989.

DIAS, L.A.S.; KAGEYAMA, P.Y. Temporal stability of multivariate genetic divergence in cacao (*Theobroma cacao* L.) in Southern Bahia conditions. **Euphytica,** Wageningen, n.93,p.181-187, 1997a.

DIAS, L.A.S.; KAGEYAMA, P.Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacau (*Theobroma cacao* L.). **Revista Brasileira de Genética,** Ribeirão Preto, v.20,n.1,p.63-70, mar. 1997b.

DUARTE, J.M. **Estudo da divergência genética em raças de feijão por meio de marcadores RAPD**. Lavras: UFLA, 1998. 78 p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

EDWARDS, A.W.F.; CAVALLI-SFORZA, L.L. A method for clusters analysis. **Biometrics,** Raleigh, v. 21, 362-375,June 1965.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York: MacMillan, 1987. 536 p.

FERREIRA, D.F. **Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos**. Lavras:UFLA, 1993. 72 p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares RAPD e RFLP em análise genética**. Brasília: EMBRAPA/CENARGEN, 1996. 220 p.

FISHER, R.A. The utilization of multiple measurements in taxonomic problems. **Annals of Eugenics**, n.7,p.170-188, 1936.

GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretasion of the variety cross diallel na related populations. **Biometrics**, Raleigh, v.22,n.3,p.439-452, Sept. 1966.

GHADERI, A.; ADAMS, M.W.; NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. **Crop Science**, Madison, v.24,n.1,p.24-27, 1984.

GIZLICE, Z. ; CARTER, T.E.; BURTON, J.W. Genetic diversity in north american soybean: I. Multivariate analyses of fiunding stock and relation to coefficient of parentage. **Crop Science**, Madison, v.33,n.3,p.614-620, May 1993.

GODOI, C.R. de M. **Análise estatística multidimensional**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1985, 187 p.

GODSHALK, E.B.; LEE, M.; LAMKEY, K.R. Relationship of restriction fragment length polymorphisms to single-cross hybrid performance of maize. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v.80,p.273-280, 1990.

GRIFFING, J.B. Concept of general and specifc combining ability in relation to diallel systems. **Australian Journal of Biological Science**, Melbourne, v.9,p.463-493,1956.

GUPTA, V.P.; SEKHON, M.S.; SATIJA, D.R. Studies on genetic diversity, heterosis and combining ability in Indian mustard [*Brassica juncea* L. (Czern e Coss)]. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v.51,n.4,p.448-453, 1991.

HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Austin, v.39,p.789-909, 1954.

HAYMAN, B.I. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means II. **Genética,** v.31,p.133-146, 1960.

HELMS, T.; ORF, J.; VALLAD, G. et al. Genetic variance, coefficient of parentage, and genetic distance of six soybean populations. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v.94,n.1,p.20-26, Jan. 1997.

HU, J.; QUIROS, C.F. Identification of brocoli ande cauliflower cultivars with RAPD markers. **Plant Cell Report**, Berlin, v.10,p.505-511, 1991.

HUSSAINI, S.H.; GOODMAN FILHO, M.M.; TIMOTTHY, D.H. Multivariate analysis and the geographical distribuition of the world collection of finger millet. **Crop Science,** Madison, v.17,p.257-263, Mar.Apr. 1977.

JAIN, A.K.; BHAGAT, N.K.; TIWART, A.S. Genetic divergence inf finger millet. **Indian Journal of Genet and Plant Breeding**, New Delhi, v.41,p.346-348, 1981.

JINKS, J.L.; POONI, H.S. Predicting the porperties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, Edinburgh, v.36,n.2,p.253-266, 1976.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statical analysis.** New Jersey: Prendtice-Hall, 1988. 607 p.

JULQUIFAR, A.W.; VIRMANI, S.S.; CARPENA, A.L. Genetic divergence among some maintainer and restoreer lines in relation to hybrid breeding rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v.70,p.671-678, 1985.

KANWAL, K.S.; SINGH, R.M.; SINGH, J. et al. divergence gene pools in rice improvement. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.63,p.263-267, 1983.

KESSELI, R.V.; PARAN, I.; MICHELMORE, R. Efficient mapping of specifically targeted genomic regions and the tagging of these regions with reliable PCR- basead genetic markers. In: APPLICATIONS OF RAPD TECHNOLOGY TO PLANT BREEDING, Minneapolis, 1992. **Proceedings**... Minneapolis: Crop Science Society of America, 1992. p.31-36.

LEE, M.; GODSHALK, E.B.; LAMKEY, K.R. et al. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronpmic performarce of their crosses. **Crop Science,** Madison, v.29,p.1067-1071, 1989.

LOPES, A.M. **Análise genética dos componentes de produção num dialelo entre seis cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) em dois regimes hídricos,** Viçosa:UFV, 1984. 135 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

MAHALANOBIS, P.C. Historic note on the D^2-Statistic. **Sakhya,** n.9, 1948, 237 p.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). **Horticultura Brasileira,** Brasília, v.1,n.1,p.31-34, maio 1983.

MANJARREZ-SANDOVAL, P.; CARTER Jr.,T.E.; WEBB, D.M. et al. RFLP genetic similarity estimates and coefficient of parentage as genetic variance predictors for soybean yield. **Crop Breeding genetics & Cytology,** Madison, v.37,p.698-703, 1997.

MARDIA, K.V.; KENT, J.T.; BIBBY, J.M. **Multivariate analysis.** London: Academic, 1979. 512 p.

MAROOF, M.A.; YANG, G.P.; ZHANG, Q. et al. Correlation between molecular marker distance and hybrid performance in EUA. Southern long grain rice. **Crop Science,** Madison, v.37, n.37,p.147-150,Jan.Feb. 1997.

MATHER, K.; JINKS, J.L. **Biometrical Genetics,** 2.ed. New York: Cornell University, 1971. 382 p.

MELCHINGER, A.E.; LEE, M.; LAMKEY, K.R. et al. Genetic diversity for restriction fragmenth length polymorphisms and heterosis for two diallel sets of maize inbreds. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.80,p.488-496, 1990.

MIRANDA, G.V. **Diversidade genética e desempenho de cultivares elites de soja como progenitores.** Viçosa:UFV, 1998. 117 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

MIRANDA, J.E.C; CRUZ, C.D.; COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum* L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11,n.1,p.929-937, mar. 1988.

MOLL, R.H.; LONQUIST, J.H.; FORTUNO, J.V. et al. The relationship of heterosis and genetic divergence in maizes. **Genetics**, Baltimore, v.52,p.139-144, 1965.

MOLL, R.H.; SALHUANNA, W.S.; ROBINSON, H.F. Heterosis and genetic diversity in varietis crosses of maize. **Crop Science**, Madison, v.2,n.3,p.197-198, 1962.

MORAIS, O.P. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, indice de seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando a macho-esterilidade**. Viçosa:UFV, 1992. 251 p. (Tese Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

MULLINS, K.; FALOONA, F. Specific synthesis of DNA *in vitro* path polimerase catalysed chain reation. **Methods Enzymol**, v.55, p.335-350, 1987.

MUNIZ, J.A. **Inferência sobre parâmetros relativos à estrutura genética de populações com dados de frequências gênicas**. Piracicaba:ESALQ/USP, 1994. 223 p.(Tese Doutorado Estatística e Experimentação Agronômica).

MURPHY, J.P.; COX, T.S.; RODGERS, D.M. Cluster analysis of red winter wheat cultivars based upon coefficient of parentage. **Crop Science**, Madison, v.26,n.4,p.672-676, Aug. 1986.

NEGRILLO, B.G.; PERRE, M.A. **Métodos multivariados e aplicações.** Londrina: UEL, 1987. 105 p.

NIENHUIS, J.; SINGH, S.P. Genetic of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of Middle-American origins. I. general combining ability. **Plant Breeding**, Cambridge, v.101,n.2,p.143-154, June 1988.

OLIVEIRA, E.J. de. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.).** Viçosa: UFV, 1989. 91 p. (Dissertação Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

OLIVEIRA, L.B. **Alternativas na escolha dos parentais em um programa de melhoramento do feijoeiro.** Lavras: UFLA, 1995. 60 p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

OTUBO, S.T.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B. et al. Genetic control of low temperature tolerance in germination of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, Wageningem, v.89,n.3,p.313-317, Mar. 1996.

PRASAD, S.K.; SINGH, T.P. Heterosis in relation to genetic divergence in maize (*Zea mays* L.). **Euphytica,** Wageningem, v.35,p.919-924, 1986.

RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B. dos, ZIMMERMANN,M. J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações no melhoramento do feijoeiro, Goiânia: UFV, 1993. 271 p.

RAO, A.V.; PRASSAD, A.S.R.; KRISHNA, T.S. et al. Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. **Indian Journal of Genetic & Plant Breeding,** New Delhi, v.41,n.2,p.179-185, July 1981.

RAO, C.R. **Advanced statical methods in biometric research.** New York: Wiley, 1952. 230 p.

REGAZZI, A. .Análise multivariada. In: **ENCONTRO MINEIRO DE GENETICISTAS** 5, Sociedade Brasileira de Genética Regional Minas Gerais, Viçosa, 1998. p.55.

RIBOLDI, J. **Análise de agrupamento "cluster analysis"e suas aplicações.** Piracicaba: USP/ESALQ, 1986. 33 p. (Monografia).

SAIKI, R.K.; GELFAND, D.H.; STOEFEL, S. et al. Primer directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. **Crop Science,** Madison, v.239,n.4,p.487-491, 1987.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics,** Raleigh, v.30,p.507-512, 1974.

SILVA, D.J.A. **Predição do comportamento de híbridos de beringela por medidas de divergência genética**. ESALQ/USP, 1999. 90 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

SINGH, S.P. Breeding for increased seed yield. In: SCHOONHOVEN, A.V.; VOYSEST, O. (eds.). **Bean (*Phaseolus vulgaris* L.)**: Production and improvement in tropics. Cali: CIAT, 1988.

SINGH, S.P.Patterns of variation in cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris)*. **Economy Botany,** New York, v.43,n.1, p.39-57, Jan.Mar. 1989.

SINGH, S.P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany,** New York, v.45,n.3,p.379-396, July 1991.

SMITH, J.S.C.; SMITH, O.S. The description and assessment of distances between inbred lines of maize. II. The utility of morphological, biochemical, and genetic descriptors and a scheme for testing of distinctiveness between inbred line. **Maydica,** Bergamo, v.34,n.2,p.151-161, 1989.

SMITH, O.S.; SMITH, J.S.C.; BOWEN, S.L. et al. Similarities among a group of elite maize inbreds as measuered by pedigree, F_1 grain yield, heterosis, and $RFLP_s$. **Theoretical Apllied Genetics,** Berlin, v.80,n.33,p.833-840, 1990.

SOKAL, R.R; SNEATH, P.H. **Numerical taxonomy the principles and pratice of numerical classification**. San Francisco: W.H. Freeman, 1963. 513 p.

SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General vs specific combining ability in single crosses of corn. **Journal American Society Agronomy,** Madison, v.34,n.10,p.923-932, 1942.

TOLEDO, J.F.F. Mid parental and coefficient of parentage as predictor for screening among single crosses for their inbreeding potential. **Revista Brasileira de Genética,** Ribeirão Preto, v.15,n.2,p.429-437, June 1992.

TRILLER, C. **Previsão do potencial genético de cruzamentos em soja pela geração F_3.** Londrina:UEL/EMBRAPA/IAPAR, 1994. 133 p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

VASCONCELOS, M.J.V.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. et al. Geneti diversity of the common bean *Phaseolus vulgaris* L. determined by DNA based molecular markers. **Brazilian Journal of Genetics,** Ribeirão Preto v.19,n.3,p. 451-474, Sept. 1996.

VEIGA, R.D.; NUNES, G.H.S.; SANTOS, J.B. dos. **Associação de parâmetro do dialelo com a variabilidade de populações segregantes avaliada po simulação.** In: ENCONTRO MINEIRO DE GENETICISTAS 5, Sociedad Brasileira de Genética Regional Minas Gerais, Viçosa, 1998. p.65.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G **Melhoramento e produção de milho no Brasil.** 2.ed. Campinas: Fundaçã Cargill, 1987. p.137-209.

VIANA, J.M.S. **Divergência genética, estabilidade e adaptabilidade d clones de cana-de-açúcar (*Sacharum* spp).** Viçosa:UFV, 1991, 108 p (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

WILLIAMS, J.G.K.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J. et al. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful genetic markers. **Nucleic Acid Research,** Oxford, v.18,p.6531-6535, 1990.

ZABEAU, M. Selective restriction fragment amplification: a general method fo DNA fingerprinting. **European Patent Amplification,** n.0534858 A1, 1993.

CAPÍTULO 1

ESCOLHA DE GENITORES DE FEIJÃO POR MEIO DA DIVERGÊNCIA BASEADA EM CARACTERES MORFO-AGRONÔMICOS

ESCOLHA DE GENITORES DE FEIJÃO POR MEIO DA DIVERGÊNCIA BASEADA EM CARACTERES MORFO-AGRONÔMICOS

RESUMO

A divergência genética dos genitores é essencial para que eles produzam populações segregantes em vários caracteres, ampliando as chances de seleção de genótipos superiores. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi verificar se a distância de Mahalanobis (D^2) classifica os genitores representados por cultivares/linhagens, adaptados à região, e permite a escolha das combinações mais divergentes em vários caracteres agronômicos. Dez características morfo-agronômicas foram utilizadas para a obtenção da distância de Mahalanobis (D^2), a partir dos doze cultivares/linhagens (Aporé, H-4-7, PF-9029975, CI-128, Carioca MG, CI-21, Carioca 300V, Ouro Negro, A-285 Rudá, ESAL 693, Pérola e IAC Carioca Aruã), avaliados em quatro ambientes (inverno/97, águas-97/98, seca/98 e inverno/98). Foi utilizado o delineamento blocos casualizados com três repetições. Verificou-se que os cultivares/linhagens diferiram em todos os caracteres, bem como entre épocas. Observou-se, ainda, que a interação genótipos x épocas foi significativa para seis dos dez caracteres. Constatou-se que os cultivares/linhagens foram mais contrastantes com base no peso de 100 sementes, número de dias para florescimento, porte, número de sementes por vagem, número de internódios, inserção da primeira vagem e comprimento da haste principal. Contudo, a produção de grãos, apesar de ser muito importante, apresentou baixa contribuição para a divergência, em virtude da falta de variabilidade entre os materiais estudados. As distâncias de Mahalanobis (D^2) classificaram os cultivares/linhagens em dois grupos distintos. Houve inconsistência nos agrupamentos nas quatro épocas. O grupo I foi formado pelo ESAL 693 e o Ouro Negro, que foram os mais divergentes nas quatro épocas. E o grupo II foi formado pelos cultivares/linhagens restantes (Pérola, PF-9029975, CI-128, A-285 Rudá, IAC Carioca Aruã, CI-21, Carioca MG, H-4-7, Carioca 300V e Aporé). A distância de Mahalanobis (D^2) mostrou-se útil quando o objetivo é a identificação de genitores divergentes a partir de vários caracteres agronômicos.

CHOICE OF BEAN PARENTS BY MEANS OF THE DIVERGENCE BASED UPON MORPHO-AGRONOMIC CHARACTERS

ABSTRACT

The genetic divergence of parents is essential for them to produce segregating populations in several characters, enlarging the chances of selecting higher genotypes. Thus, the objective of that work was to verify whether Mahalanobis' distance (D^2) classifies the parents stood for by cultivars/lines adapted to the region and allows the choice of the most divergent combinations in several agronomic characters. Ten morpho-agronomic characteristics were utilized for obtaining Mahalanobois' distance (D^2) from 12 cultivars/lines (Aporé , H-4-7, PF-9029975, CI-128, Carioca MG , CI-21, Carioca 300V, Ouro Negro, A-285 Rudá, ESAL 693, Pérola and IAC Carioca Aruã), evaluated in four seasons (winter/97, waters97/98, drought/98 and winter/98). The randomized block design with three replications was utilized. It was verified that the cultivars/lines differed in all the characters, as well as among seasons. It was still noticed that that the genotype/season interaction was significant for six of the ten characters. It was found that that the cultivars/lines were the most contrasting on the basis of the weight of 100 seeds, number of days to flowering, plant type, number of seeds per pod, number of internodes, insertion of the first pod and length of the chief stem. However, grain yield despite being very important presented poor contribution to the divergence due to the lack of variability among the materials studied. Mahalanobis' distances (D^2) classified the cultivars/lines into two distinct groups. There was an inconsistency in the groupings in the four seasons. Group I was made up of ESAL 693 and Ouro Negro, which were the most divergent in the four seasons. And group II was made up of the cultivars/lines remaining (Pérola, PF-9029975, CI-128, A-285 Ruda, IAC Carioca Aruã, CI-21, Carioca MG, H-4-7, Carioca 300V and Aporé). Mahalanobis' distance (D^2) proved useful when the objective is the identification of divergent parents from several agronomic characters.

1 INTRODUÇÃO

A obtenção de populações segregantes, com altas médias para as características de interesse e variabilidade genética ampla, depende da seleção adequada dos genitores. A divergência dos genitores é essencial para que eles

produzam populações segregantes em vários caracteres, de modo a ampliar as chances de seleção de genótipos superiores.

Dentre os diversos critérios disponíveis para a escolha dos parentais, destacam-se: o comportamento *per se* dos genitores, a genealogia e o desempenho das progênies (Moll, Salhuanna e Robinson, 1962).

Os métodos preditivos, quando eficientes, são preferíveis aos métodos quantitativos, uma vez que dispensam a realização dos cruzamentos entre os genitores disponíveis (Cruz, 1990). A predição pode ser realizada pela aplicação de vários métodos multivariados, tais como os componentes principais, as variáveis canônicas ou os métodos aglomerativos

Entre os métodos multivariados para a avaliação da divergência genética, destaca-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) como medida de dissimilaridade (Arunachalan, 1981, Cruz e Regazzi, 1997).

A distância generalizada de Mahalanobis pode ser estimada a partir de diferenças fisiológicas, morfológicas e agronômicas de um grupo de genótipos (Ghaderi, Adams e Nassib, 1984). Ela é uma das medidas de dissimilaridade mais utilizadas e uma alternativa para os melhoristas na escolha de genitores divergentes (Ghaderi, Adams e Nassib, 1984; Bryant e Meffer, 1990). Entretanto, Abreu (1997) estimou a divergência genética empregando a distância de Mahalanobis (D^2) em feijão e concluiu que ela não foi uma boa técnica de escolha de genitores, em razão dos materiais utilizados não serem adaptados. Consequentemente, a diversidade com base em vários caracteres não refletiu as diferenças entre os genitores com base na produtividade de grãos. Porém, na maioria dos programas de melhoramento, utilizam-se cultivares/linhagens adaptados. Assim, é necessário avaliar a utilidade da distância de Mahalanobis (D^2) para essas condições.

Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi verificar se a distância de Mahalanobis (D^2) classifica os genitores, representados por cultivares/linhagens

adaptados na região, e permite a escolha das combinações mais divergentes em vários caracteres agronômicos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado no campo experimental do Departamento de Biologia em Lavras-MG, que está a 910 metros de altitude, 21°45' S de latitude e 45°00' W de longitude. O solo do local dos experimentos é classificado como latossolo vermelho escuro distrófico, fase cerrado.

Os doze cultivares/linhagens foram avaliados em quatro épocas: inverno/97, águas97/98, seca/98 e inverno/98. Algumas características dos cultivares e linhagens que foram utilizados estão relacionadas na Tabela 1. Essas linhagens/cultivares foram escolhidas com base em características agronômicas favoráveis, como porte e hábito de crescimento, por serem estas características importantes para o melhoramento.

O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados com três repetições. Cada parcela consistiu de duas linhas de três metros de comprimento, com espaçamento de 50 cm entre as linhas e 15 sementes por metro linear. A avaliação dos cultivares/linhagens foi feita utilizando os seguintes caracteres agronômicos:

1 - PD: produção de grãos em kg/ha;

2 - PS: peso médio de 100 sementes em g;

3 - FL: número de dias para o florescimento. Foi anotada a data do florescimento quando 50% das plantas da parcela já apresentavam pelo menos um flor aberta;

4 - PR: porte das plantas, [utilizando escala de notas de 1 a 4, (Oliveira, 1995), sendo 1 = planta com ramificação ereta, 2 = planta com ramificação ereta e fechada, 3 = planta com ramificação aberta, 4 = planta prostrada ou trepadeira];

5- NVP: número médio de vagens por planta;

6 - NSV: número médio de sementes por vagens;

7 - NI: número médio de internódios da haste principal;

8- IV: Inserção média da primeira vagem até o colo da planta, em cm;

9- NR: número médio de ramos por planta;

10- HP: comprimento médio da haste principal, em cm, do colo até a inserção da última folha.

Na avaliação individual dos cultivares/linhagens, foram utilizadas todas as plantas da parcela para obter PD, FL e PR. Os demais caracteres foram avaliados a partir de uma amostra de dez plantas por parcela.

TABELA 1. Origem, genealogia, hábito de crescimento, cor do tegumento e peso de 100 sementes dos 12 cultivares/linhagens. Lavras-MG, 1999.

Cultivares/ Linhagens	Origem	Genealogia[2]	Hábito de[1] crescimento	Cor do tegumento	Peso de 100 sementes em (g)
1-Aporé	CNPAF	(Carioca/México 168)// (Carioca/Bat76)	III	Bege com estrias marrom	27
2-H-4-7	UFLA	(EMGOPA 201 Ouro/Carioca)	III	Bege com estrias marrom	21
3-PF - 9029975	CNPAF	Seleção no ESAL 582 (Carioca80/Rio Tibagi)	II	Bege com estrias marrom	17
4-CI - 128	UFLA	Seleção recorrente	III	Bege com estrias marrom	25
5-Carioca-MG	UFLA	Carioca 80/Rio Tibagi	II	Bege com estrias marrom	18
6-CI - 21	UFLA	Seleção recorrente	III	Bege com estrias marrom	22
7-Carioca 300 V	UFLA	Seleção no Carioca	III	Bege com estrias marrom	22
8-Ouro Negro	CIAT	Int. de Honduras (Hond. 35)	III	Preto	24
9-A-285 Rudá	CIAT	Carioca/Rio Tibagi	II	Bege com estrias marrom	16
10-ESAL-693	UFLA	(Carioca TU/ Linha 3272)	I	Bege com estrias marrom	19
11-Pérola	CNPAF	Seleção no Aporé	II/III	Bege com estrias marrom	23
12-IAC Carioca Aruã	IAC	(Cornell 49-242/ AB-136)	II/III	Bege com estrias marrom	25

[1] I- hábito de crescimento determinado; II- hábito de crescimento indeterminado com guias curtas; III- hábito de crescimento indeterminado com guias longas; [2] /: cruzamento simples, //: cruzamento duplo.

Como adubação, foi empregado o equivalente a 400 kg/ha da fórmula 4-14-8 de N, P_2O_5 e K_2O, na semeadura, e 150 kg/ha de sulfato de amônio em cobertura, 20 dias após a emergência. A cultura foi submetida a irrigação por aspersão quando necessário. Os demais tratos culturais foram os comuns para a cultura.

2.1 Análise genética e estatística dos dados

Inicialmente, foi feita análise de variância individual (ANAVA) para cada caráter avaliado, considerando o efeito de cultivares/linhagens como fixo. Posteriormente, fez-se análise conjunta das quatro épocas para cada caráter. As análises de variâncias individuais e conjunta foram feitas usando o programa MSTAT-C (1991). Utilizou-se o seguinte modelo estatístico para as ANAVAs individuais:

$$Y_{ij} = u + t_i + b_j + e_{ij}$$

Em que:

Y_{ij}: é a observação referente ao tratamento "i" na repetição "j";

u: é a média geral;

t_i: é o efeito do genitor "i", sendo (i = 1, ...n);

b_j: é o efeito do bloco "j", sendo (j = 1, ...r);

e_{ij}: é o erro experimental, $e \sim N(0, \sigma^2)$

Na análise conjunta foi considerado o efeito de cultivares/linhagens e épocas, como fixos, e utilizou-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = u + t_i + b_{J(k)} + a_k + (ta)_{ik} + \overline{e}_{(ij)k}$$

Em que:

Y_{ij}: é a observação referente ao tratamento "i" na repetição "j";

t_i: é o efeito do genitor "i", sendo (i= 1,...n);

b_j: é o efeito do bloco "j", sendo (j=1,...r);

a_k: é o efeito da época "k", sendo (k= 1,...s);

$(ta)_{ik}$= é a interação de genitores x épocas;

$\bar{e}_{(ij)k}$: é o erro experimental médio.

Para cada caráter estudado, foi utilizado, também, o teste de médias Scott-Knott (1974), para verificar diferenças entre as médias dos cultivares/linhagens.

Utilizando as avaliações dos dez caracteres agronômicos, realizou-se a análise de variância multivariada conjunta com o auxílio do procedimento PROC GLM, do programa SAS® (1995), com a finalidade de estimar a matriz de somas de quadrados e produtos do erro (E).

Como medida de dissimilaridade, foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2), definida pela seguinte expressão (Cruz e Regazzi, 1997):

$$D^2_{ij}=\delta'\psi^{-1}\delta;$$

Em que:

D^2_{ij} = distância de Mahalanobis entre os genitores i e j;

δ = vetor de desvios entre os genitores i e j, sendo cada desvio a diferença entre as médias dos genitores para cada caráter;

ψ^{-1} = inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais envolvendo todos os caracteres, obtida na análise conjunta de variância multivariada.

As distâncias de Mahalanobis (D^2) foram obtidas utilizando o programa GENES (Cruz, 1997), a partir da matriz de somas de quadrados e produtos do erro (E) obtidas na análise multivariada.

A partir das distâncias de Mahalanobis foi feita a análise de agrupamento. Para essa análise, foram consideradas também, as distâncias obtidas para as médias dos cultivares/linhagens, utilizando o método hierárquico aglomerativo do vizinho mais próximo, apresentado por Johnson e Wichern (1988). Este método foi utilizado por ser um dos mais comuns, e o critério de ligação entre duas unidades de agrupamento (indivíduo ou grupo) é definido como a distância mínima entre eles.

Posteriormente, também utilizou-se o método de Tocher. Este parte do princípio de que, a partir da matriz de dissimilaridade, é identificado o par de indivíduos mais próximo, formando o grupo inicial. Em seguida, é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos no grupo, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo é sempre inferior a qualquer distância intergrupo. A inclusão de um novo indivíduo sempre acarreta em um acréscimo na distância média intragrupo. Assim, a decisão de incluí-lo depende desse acréscimo não superar um determinado limite estabelecido (α). Em geral, esse limite é o valor máximo de distância, no conjunto das menores distâncias de cada indivíduo (Cruz, 1987).

A contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética foi realizada a partir das distâncias obtidas para as médias dos cultivares/linhagens, utilizando o programa GENES (Cruz , 1997).

As correlações de posição entre as distâncias de Mahalanabis (D^2) foram obtidas para verificar a concordância entre essas distâncias nas diferentes épocas. Para essa finalidade, utilizou-se o programa GENES (Cruz, 1997).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise conjunta dos doze cultivares/linhagens, avaliados nas quatro épocas, está apresentada na Tabela 1A. A precisão dos resultados medida, pelo coeficiente de variação (CV%), está dentro da amplitude obtida em outros estudos (Santos, 1984 e Abreu, 1997). Ocorreram diferenças significativas entre os cultivares/linhagens com base em todos os caracteres, bem como entre épocas. Tais resultados sugerem que todos os caracteres agronômicos considerados foram importantes para identificar a divergência genética entre os cultivares/linhagens. Entretanto, observa-se, também, que houve interação significativa para seis entre os dez caracteres avaliados (Tabela 1A). A ocorrência de interação e o fato de cultivares/linhagens e épocas terem sido considerados efeitos fixos, indicam que os resultados deveriam ser analisados por época. No entanto, em razão do melhoramento do feijão ser feito em geral para adaptação mais ampla, e também porque a escolha de genitores visa obter populações segregantes, permitindo seleção de linhagens com adaptação em todas as épocas de cultivo, optou-se pela análise com base na média de várias avaliações, as quais são mais previsíveis e proporcionam maiores ganhos quando se faz seleção (Takeda, 1990).

Constatou-se que os cultivares/linhagens foram mais contrastantes com base no peso de 100 sementes, número de dias para florescimento, porte, número de sementes por vagem, número de internódios, inserção da primeira vagem e comprimento da haste principal (Tabela 2A). A menor heterogeneidade, em relação aos demais caracteres, e em especial a produtividade de grãos, deveu-se ao fato de todos os cultivares/linhagens serem adaptados e, principalmente, por possuírem alelos comuns do cultivar Carioca, com exceção apenas do Ouro Negro. Em relação aos sete caracteres mais divergentes, o peso de 100 sementes demonstrou diversidade entre os cultivares/linhagens ESAL 693, CI-128, Aporé

e Pérola. Com relação ao número de dias de florescimento, os cultivares/linhagens mais precoces foram: Ouro Negro e ESAL 693; e os mais tardios foram: A-285 Rudá, Peróla, IAC Carioca Aruã e CI-21. Já os cultivares/linhagens PF-9029975, Carioca MG e A-285 Rudá apresentaram os melhores portes, e os piores foram os do H-4-7, Carioca 300V e Aporé. Com relação ao número de sementes por vagens, destacaram-se o PF-9029975, Carioca MG e A-285 Rudá, já os menores valores foram encontrados para o ESAL 693, IAC Carioca Aruã e CI-21. Para o número de internódios, o CI-21, H-4-7 e IAC Carioca Aruã apresentaram os maiores valores, e os menores foram para o ESAL 693, Ouro Negro, CI-128 e Pérola. Para a inserção da primeira vagem, destacam-se o Pérola, CI-128 e ESAL 693, que apresentam as maiores inserções, já os menores valores foram para o Carioca MG, CI-21 e H-4-7. Com relação ao comprimento da haste principal, destacaram-se o Pérola, Aporé e Carioca 300V, e os menores valores compreenderam o ESAL 693, Carioca MG e PF-9029975.

As distâncias entre os pares de cultivares/linhagens (Tabela 3A), considerando as dez características agronômicas, indicaram que os pares mais próximos foram: Aporé e Carioca 300V; PF-9029975 e Carioca MG; IAC Carioca Aruã e A-285 Rudá; e Carioca MG e A-285 Rudá, e os mais distantes foram: PF-9029975 e ESAL 693; A-285 Rudá e ESAL 693; Carioca MG e ESAL 693; e IAC Carioca Aruã e ESAL 693. Vale ressaltar que, em média, o ESAL 693 foi o mais divergente em relação aos demais cultivares/linhagens, e considerando todos os pares de cultivares/linhagens, a distância média entre cada par foi de 28,70 (Tabela 3A). Portanto, o mesmo pode ser utilizado em programas de hibridação. Os valores da distância de Mahalanobis (D^2) variaram de 2,77 (Aporé e Carioca 300V) até 96,35 (ESAL 693 e PF-9029975). Entre as distâncias de cada par de cultivares/linhagens, oito apresentaram valores acima

de 60, sendo que seis dessas combinações possuem a linhagem ESAL 693 (Tabela 3A).

Espera-se que os cultivares/linhagens mais distantes, quando cruzados, produzam populações descendentes com as maiores segregações para os caracteres avaliados, com maiores chances de sucesso com a seleção.

O agrupamento dos cultivares/linhagens pelo método do vizinho mais próximo (Figura 1A) permite visualizar, com mais facilidade, o relacionamento dos mesmos. Para obtenção dos grupos pelo método de Tocher, adotou-se a maior distância entre os mínimos de 25,38, que corresponde a menor distância observada entre o ESAL 693 e o Ouro Negro, conforme Cruz e Regazzi (1997). De acordo com esse critério, foram formados dois grupos. O primeiro está representado pela linhagem ESAL 693 e pelo Ouro Negro. O segundo, pelos demais cultivares/linhagens. A consistência do agrupamento dos cultivares/linhagens do primeiro grupo, nas diferentes épocas, indicam que eles não foram afetados pelas diferentes condições em que foram avaliados, mesmo trabalhando com caracteres quantitativos, que são influenciados pelo ambiente, conforme alguns relatos na literatura, entre eles Bhatt (1976); Dias e Kajeyama (1997a) e Silva (1999). Já os demais cultivares/linhagens, do grupo 2, apresentaram inconsistência no agrupamento, comprovando as observações de alguns pesquisadores; Singh e Gupta (1979); Jain, Bhagat e Tiwart (1981); Jain, Pandya e Pande (1981); Varma e Gulati (1982) e Singh e Gill (1984).

De acordo com o critério adotado para a separação dos grupos, as populações esperadas com maior variabilidade são aquelas provenientes de cruzamentos em que um dos genitores seja o ESAL 693 e o Ouro Negro (Figura 1B). Os demais cultivares/linhagens ocorreram em um único grupo. Sendo eles: Pérola, PF-9029975, CI-128, A-285 Rudá, IAC Carioca Aruã, CI-21, Carioca MG, H-4-7, Carioca 300V e Aporé.

A maior divergência da linhagem ESAL 693 era esperada, pois ela é a única de hábito de crescimento I, e é proveniente do cruzamento [Carioca x TU] x L-3272] (Nunes, 1997). O Carioca x TU é, na verdade, um cruzamento de cuja população segregante foi selecionada uma linhagem com hábito de crescimento I, sementes de tamanho médio e portadora do alelo Co.5, de resistência a *Colletotricum lindermuthianum*. O TU é uma linhagem mexicana e fonte do alelo de resistência Co.5, enquanto a L-3272 é uma linhagem mutante do cultivar Milionário. Portanto, é de se esperar que a linhagem ESAL 693 possua a menor proporção de alelos do cultivar Carioca, em comparação com os demais cultivares/linhagens avaliados, apesar de apresentar o tipo de grão semelhante ao Carioca. Já o cultivar Ouro Negro é o único que apresenta sementes pretas, é originário de uma introdução de Honduras (Tabela 1), e não possui nenhum parentesco com o Carioca. Ele possui um elevado potencial produtivo e hábito de crescimento III, portanto, diferente, em vários caracteres agronômicos, em relação aos demais cultivares/linhagens. Sendo assim, espera-se também que as populações segregantes, provenientes de cruzamentos em que participa o Ouro Negro, devam possuir ampla variabilidade. No entanto, o fato do Ouro Negro possuir sementes pretas contribui para maior dificuldade de seleção de linhagens com tipo de grãos semelhantes ao carioca, que é de melhor aceitação comercial no sudeste brasileiro.

Os dez cultivares/linhagens restantes ocorreram em um único grupo (Figura 1A) e as populações provenientes de intercruzamentos biparentais entre eles devem gerar menor variabilidade. Embora todos sejam portadores de sementes tipo carioca, as linhagens CI-128 e CI-21 foram selecionadas em uma população segregante, proveniente de um programa de seleção recorrente, formado por mais de uma dezena de genitores. O cultivar Pérola é uma linha selecionada dentro do cultivar Aporé, o qual é também uma seleção dentro de

uma população segregante (Tabela 1). Portanto, é esperado que sejam muito semelhantes. A linhagem PF-9029975 também mostrou-se promissora para gerar populações com variabilidade genética, quando cruzada com o restante dos cultivares/linhagens menos divergentes, representados na Figura 1B. Vale ressaltar que o PF-9029975, o cultivar Carioca MG e o A-285 Rudá são provenientes do cruzamento do Carioca 80 x Rio Tibagi, sendo estas linhagens selecionadas de famílias irmãs. Entretanto, a população Carioca 80 x Rio Tibagi possui ampla variabilidade e, consequentemente, é possível a seleção de linhagens divergentes. Assim, as populações segregantes provenientes do PF-9029975 também são promissoras para a seleção de linhagens com grãos tipo carioca, hábito de crescimento II ou III, elevado potencial produtivo. A divergência do IAC Carioca Aruã é explicada pelo fato do cultivar ter, entre seus genitores, o cultivar Cornell 49242, que possui sementes pretas e hábito de crescimento III e a linhagem AB136, que, além de não ser adaptada em nossas condições, possui hábito de crescimento IV e grãos vermelhos. Portanto, ambas são diferentes do cultivar Carioca em vários caracteres agronômicos.

O H-4-7 é descendente do cruzamento EMGOPA 201 Ouro x Carioca. Por outro lado, os cultivares/linhagens do grupo 2, classificados pela distância de Mahalanobis (D^2), são provenientes de cruzamentos com 50% ou mais de alelos do cultivar Carioca, ou são linhagens selecionadas dentro do próprio Carioca, como é o caso do Carioca 300V. Mesmo assim, esses cultivares/linhagens apresentam divergência. O cultivar Aporé é uma seleção dentro da população segregante [Carioca x México 168] x [carioca x Bat 76] (Tabela 1), e apresenta grãos tipo Carioca. Assim, embora onze dos doze cultivares/linhagens apresentem grãos tipo carioca, eles possuem origens diferentes e indicam a possibilidade de ampla segregação em alguns cruzamentos (Tabela 3A).

Vários pesquisadores têm utilizado as técnicas multivariadas para estimar a divergência genética, com a finalidade de reduzir os esforços na obtenção de híbridos e concentrá-los nas combinações mais promissoras. Especificamente com a cultura do feijoeiro, vale ressaltar o trabalho de Abreu (1997), que estimou a divergência genética pela distância generalizada de Mahalanobis e verificou que a divergência não foi uma boa medida de escolha de genitores visando a produtividade de grãos, pois os materiais mais divergentes não eram adaptados. Por outro lado, Miranda (1998), em soja, avaliou a diversidade genética pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2), e concluiu que a técnica permitiu identificar diversidade genética entre os cultivares estudados.

Dias e Kageyama (1997b) também estimaram distâncias genéticas entre cultivares de cacau usando a distância de Mahalanobis. Os autores constataram que a distância genética entre cultivares mostrou-se linearmente associada com o desempenho médio dos híbridos e heterose para os principais componentes de produção, havendo relação positiva entre distância genética dos cultivares e efeitos de capacidade de combinação. E finalmente concluíram que as estimativas de diversidade genética permitiram selecionar genitores mais promissores.

O uso de medidas de divergência para a escolha de genitores tem permitido identificar combinações híbridas superiores aos genitores. Contudo, o fato de dois genitores serem divergentes não implica em superioridade de seus híbridos, conforme relata Ferreira (1993), em milho; e Sarawat, Staddard e Marsall (1994), em ervilha. Por outro lado, Oliveira (1995) relata que a média de uma população segregante depende da frequência dos locos fixados com alelos favoráveis e da frequência de locos em heterozigose. Quando os genitores utilizados são adaptados, como é o caso desse estudo, a frequência de locos favoráveis fixados é alta.

Os cultivares/linhagens considerados mais divergentes e, portanto, potenciais para se obter populações segregantes, são a linhagem ESAL 693 e/ou o Ouro Negro. Em seguida, deve-se usar os materiais do grupo 2 de acordo com os objetivos do programa de melhoramento. Entretanto, dentro desse grupo, alguns cruzamentos também prometem formar populações segregantes divergentes, como o PF-9029975 e CI-128, H-4-7 e Pérola, e PF-9029975 e Pérola (Tabela 3A).

Observa-se, na Tabela 4A, que o peso de 100 sementes, número de dias para o florescimento e o número de internódios foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência, com 69% da variação. A produção de grãos, que é o caráter mais importante para o feijoeiro, teve pequena contribuição (2,67%), conforme já mencionado. A explicação para esse resultado é a homogeneidade entre os cultivares/linhagens estudados, comprovada pela falta de variabilidade para esse caráter, demonstrada pela análise multivariada. Constata-se, assim, que a escolha de genitores por meio de da distância Mahalanobis (D^2) classifica as populações segregantes com maior potencial de variabilidade, com base nos caracteres agronômicos, com ênfase em alguns de maior variação genética. Se o objetivo do programa de melhoramento é a seleção de linhagens para o conjunto de caracteres considerados, a distância de Mahalanobis (D^2) mostra-se útil. Porém, quando se visa somente a produção de grãos, ela não é eficiente, especialmente, quando se trabalha com cultivares/linhagens aparentados, portanto pouco divergentes para esse caráter, devido à ausência de variabilidade entre eles.

Apesar de terem sido considerados apenas os resultados médios das quatro épocas, foram estimadas as distâncias entre os cultivares/linhagens em cada época (Figura 1A). Observam-se algumas inconsistências nos agrupamentos, mas, no geral, existem concordâncias, especialmente entre os cultivares/linhagens mais divergentes, como indicam as correlações

significativas entre as distâncias estimadas nas diferentes épocas (Tabela 5A). A razão para as inconsistências são as interações genótipos por épocas e as diferentes épocas avaliadas, observada inclusive na análise multivariada. O efeito dessas interações refletiram principalmente nas contribuições relativas ao peso de 100 sementes e número de dias de florescimento, para as estimativas das distâncias (Tabela 4A).

4 CONCLUSÕES

1- As distâncias de Mahalanobis (D^2) classificaram os cultivares/linhagens em dois grupos. O grupo I formado por 2 cultivares/linhagens (ESAL 693 e Ouro Negro) e o grupo II, formado pelos cultivares/linhagens restantes (Pérola, PF-9029975, CI-128, A-285 Rudá, IAC Carioca Aruã, CI-21, Carioca MG, H-4-7, Carioca 300V e Aporé);

2- Os caracteres que mais contribuíram para a divergência, calculada com a média das quatro épocas, foram: peso de 100 sementes, número de dias para florescimento, número de internódios e o comprimento da haste principal, enquanto a produção de grãos contribuiu com apenas 2,67 de variação, em virtude da ausência de variabilidade para esse caráter, demonstrada na análise multivariada;

3- A distância de Mahalanobis (D^2) foi útil quando o objetivo é a seleção de linhagens a partir de vários caracteres agronômicos, porém, quando se visa somente a produção de grãos, ela não foi eficiente devido à homogeneidade dos cultivares/linhagens em relação a este caráter.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A. de F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais.** Lavras:UFLA, 1997. 79 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

ANAND, I.J.; RAWAT, D.S. Genetic diversity combining ability and heterosis in brown mustard. **Indian Journal Genetics and Plant Breeding,** New Delhi. n.44,p.226-234, 1984.

ARUNACHALAM, V. Genetic distance in plant breeding. **Indian Journal Genetics and Plant Breeding,** New Delhi, v.41,p.226-236, 1981.

BHATT, G.M. An application of multivariate analysis to slection for quality characaters in Wheat. **Australian Journal of Agriculture Research,** Melbourne. n.27,p.11-18, 1976.

BRYANT, E.H.; MEFFERT, L.M. Multivariate phenotypic ddifferentiation among bottleneck lines of the housefly. **Evoluttion,** Lawrence, v.44,n.33,p.660-608, 1990.

CRUZ, C.D. **Algumas técnicas de análises multivariada no melhoramento de plantas.** Piracicaba:ESALQ, 1987. 75 P. (Monografia em tópicos de melhoramento).

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas.** Piracicaba: ESALQ/USP, 1990. 188 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

CRUZ, C.D. **Programa Genes:** Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa:UFV, 1997. 442 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa:UFV, 1997. 390 p.

DIAS, L.A.; KAGEYAMA, P.Y. Temporal stability of multivariate genetic divergence in cacao (*Theobroma cacao* L.) in Southern Bahia conditions. **Euphytica,** Wageningen, n.93,p.181-187, 1997a.

DIAS, L.A.; KAGEYAMA, P.Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacau (*Theobroma cacao* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.20,n.1,p.63-70, mar. 1997b.

FERREIRA, D.F. **Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos**. Lavras:UFLA, 1993. 72 p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

GHADERI, A.; ADAMS, M.W.; NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. **Crop Science**, Madison, v.14,n.1,p.24-27, 1984.

JAIN, A.K.; BHAGAT, N.K.; TIWART, A.S. Genetic divergence inf finger millet. **The Indian Journa of Gnet and Breeding**, New Delhi, v.41,p.346-348, 1981.

JAIN, K.C.; PANDYA, B.P.; PANDE, K. Genetic divergence in chickpea. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi. n.41,p.220-225, 1981.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statical analysis**. New Jersey: Prendtice-Hall, 1988. 607 p.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F_1 hybrids. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto.n.3,p.453-460, 1983.

MIRANDA, G.V. **Diversidade genética e desempenho de cultivares de soja como progenitores.** Viçosa:UFV, 1998. 117 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

MOLL, R.H.; SALHUANNA, W.S.; ROBINSON, H.F. Heterosis and genetic diversity in varietis crosses of maize. **Crop Science**, Madison, v.2,n.3,p.197-198, 1962.

MSTAT-C. A software program for the design, management, and analysis of agronomic research experiments . **Michigan State University, USA.** 1991.

NUNES, G.H.S. **Seleção de famílias de feijoeiro adaptadas às condições de inverno do Sul de Minas Gerais**. Lavras: UFLA, 1997. 48 p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

OLIVEIRA, E.J. de. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.).** Viçosa:UFV, 1989. 91 p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

OLIVEIRA, L.B. **Alternativas na escolha dos parentais em um programa de melhoramento do feijoeiro.** Lavras: UFLA, 1995. 60 p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

SANTOS, J.B.dos. **Controle genético de caracteres agronômicos e potencialidade de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para o melhoramento genético.** Piracicaba: ESALQ, 1984. 223 p. (Tese-Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

SARAWAT, P.; STODDARD, F.L.; MARSHALL, D.R. Genetic distance and its association with heterois in peas. **Euphytica,** Wageningen, v.73,n.4,p255-264, Mar. 1994.

SAS. **SAS language and procedures**: Usage Statistics SAS Institute. Version 6, 1st ed. Cary, North Carolina, 1995, 373 p.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A.Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics,** Raleigh, v.30,p.507-512, 1974.

SILVA, D.J.A. **Predição do comportamento de híbridos de beringela por medidas de divergência genética.** Piracicaba:ESALQ, 1999. 90 p. (Dissertação -Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding,** New Delhi, v.41,n.2,p.237-245, 1981.

SINGH, T.H.; GILL, S.S. Genetic diversity in upland cotton under different environments. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding,** New Delhi. n.44,p.506-513, 1984.

SINGH, S.; GUPTA, P.K. Genetic divergence in pearl millet. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding,** New Delhi, n.39,p.210-215, 1979.

SMITH, D.F.; SMITH, J.S.C. Prediction of heterosis using pedigree relationship, biochemical and morphological data. **In: Annual-Illinois Corn Breeders School,** 23rd. Illinois. p1-21, 1987.

TAKEDA, C. **Avaliação de progênies de feijoeiro do cruzamento "ESAL-501" x "A 354 em diferentes densidades de plantio.** Lavras:ESAL, 1990. 82 p. (Dissertação Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

VARMA , N.S.; GULATI, S.C. Genetic divergence in 2-rowed and 6-rowed barley. **Indian Journal Genetics and Plant Breeding,** New Delhi. n.42,p.314-318, 1982.

ANEXOS

ANEXO

TABELA 1A. Resumo da análise conjunta de variância, estimativas da média geral e coeficiente de variação relativa aos dez caracteres dos cultivares/linhagens de feijão avaliados no inverno/97, águas97/98, seca/98 e inverno/98. Lavras-MG, 1997/98.

		QM[1]									
Fonte	GL	PD[2, 3, 4, 5]	PS[4]	FL[4]	PR[4, 5]	NVP[3, 4]	NSV[4, 5]	NI[4]	IV[3, 4]	NR[4, 5]	HP[4]
Bloco/Época	8	4,18	3,46	0,60	0,18	6,51	0,10	0,86	15,08	2,18	233,76
Época (E)	3	85,71**	1093,50**	4133,90**	13,53**	49,58**	3,40**	29,08**	651,15**	23,24**	16213,66**
Genitores (G)	11	10,61*	104,06**	52,76**	2,91**	15,92*	2,64**	17,61**	47,58**	9,65**	1163,71**
GxE	33	5,29[NS]	17,80**	6,22**	0,28[NS]	11,64*	0,40[NS]	3,28**	10,86*	4,58[ns]	307,23**
Erro médio (E)	88	4,36	7,65	1,48	0,22	7,63	0,28	1,33	6,21	3,66	125,61
Média Geral	-	0,024	22,65	49,28	2,78	2,78	4,73	9,38	17,74	9,16	72,68
CV (%)	-	17,75	10,75	2,92	10,87	10,87	7,68	11,15	10,72	13,49	13,92

[1] PD: produção em kg/ha; PS: peso médio de 100 sementes; FL: número de dias de florescimento; PR: porte das plantas, NVP: número médio de vagens/planta; NSV: número médio de sementes/vagem; NI: número médio de internódios da haste principal; IV: inserção média da primeira vagem; NR: número médio de ramos/planta e HP: comprimento médio da haste principal; [2]: 10^{-3}; [3]*: significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de F; [4]**: significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste de F e [5]NS: não significativo.

TABELA 2A. Valores médios relativo aos dez caracteres, média geral e coeficiente de variação (%) dos cultivares/linhagens de feijão avaliados no inverno/97, águas97/98, seca/98 e inverno/98. Lavras-MG, 1997/98.

	Caracteres[1/]									
C/L	PD[2/]	PS	FL	PR	NVP	NSV	NI	IV	NR	HP
Aporé	27,38a	25,15a	49,50a	3,22a	11,28a	4,64b	9,37a	18,32a	8,57a	84,95a
H-4-7	18,19a	19,97b	49,17a	3,35a	11,00a	5,01a	10,9a	16,18b	10,33a	75,41a
PF-9029975	25,06a	19,54b	49,67a	1,96b	10,54a	5,59a	9,68a	18,30a	8,12a	62,76b
CI-128	23,17a	26,49a	49,58a	3,08a	10,49a	4,45b	8,13b	20,40a	8,69a	73,60a
Carioca MG	22,55a	19,00b	49,92a	2,08b	10,98a	5,24a	9,36a	15,41b	8,42a	59,21b
CI-21	24,45a	22,12b	50,25a	3,10a	13,23a	4,44b	11,19a	15,50b	10,65a	76,13a
Carioca 300V	25,58a	22,04b	49,67a	3,32a	12,53a	4,58b	9,81a	18,67a	9,39a	80,36a
Ouro Negro	26,52a	23,93a	44,17c	3,09a	11,49a	4,87a	8,10b	16,08b	8,79a	65,24b
A-285 Rudá	25,81a	20,28b	51,42a	2,29b	12,97a	5,06a	9,72a	16,57a	9,57a	71,12a
ESAL-693	20,09a	27,83a	46,08b	2,84a	10,95a	3,79b	7,26b	20,30a	9,22a	57,26b
Pérola	25,59a	24,90a	51,00a	2,65b	10,18a	4,69b	8,41b	20,83a	7,91a	87,89a
IAC Carioca Aruã	19,60a	20,56b	50,92a	2,43b	13,49a	4,36a	10,56a	16,35b	10,24a	78,18a
Média geral	23,67	22,65	49,28	2,78	11,59	4,73	9,38	17,74	9,16	72,68
CV(%)	17,75	10,75	2,92	10,87	16,99	7,68	11,15	10,72	14,49	13,92

1/: PD: produção em kg/ha; PS: peso médio de 100 sementes; FL: número de dias de florescimento; PR: porte das plantas; NVP: número médio de vagens/planta; NSV: número médio de sementes/ vagem; NI: número médio de internódios da haste principal; IV: inserção média da primeira vagem; NR: número médio de ramos/planta e HP: comprimento médio da haste principal; C/L: cultivares/linhagens; 2/: 10^{-2}; As médias seguidas de mesma letra, na coluna, não diferem entre si, a 10% de probabilidade, pelo teste de Scott-Knott.

TABELA 3A. Dissimilaridade entre os cultivares/linhagens de feijão estimada pela distância de Mahalanobis (D^2) em relação aos dez caracteres avaliados no inverno/97, águas97/98, seca/98 e inverno/98. Lavras-MG, 1997/98.

C/L	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	-	19,43	30,96	5,40	21,66	10,99	2,77[1]	30,11	16,38	47,45	7,25	14,11
2		-	19,58	26,19	13,22	7,54	12,81	43,67	19,13	71,48	41,64	12,26
3			-	39,14	2,90	19,65	21,59	62,18	7,46	96,35[2]	44,01	13,17
4				-	29,58	18,28	7,63	29,44	25,18	27,64	8,04	21,84
5					-	12,08	15,06	47,75	5,21	80,14	36,03	8,02
6						-	5,69	43,79	10,95	63,32	27,48	7,10
7							-	34,30	10,55	52,62	13,81	8,11
8								-	61,60	25,38	51,99	53,79
9									-	88,51	23,33	4,89
10										-	54,69	75,12
11											-	24,84
12												-

C/L:cultivares/linhagens (1- Aporé, 2- H-4-7, 3- PF-9029975, 4- CI-128, 5- Carioca MG, 6- CI-21, 7- Carioca 300V, 8- Ouro Negro, 9- A-285 Rudá, 10- ESAL-693, 11- Pérola, 12- IAC Carioca Aruã; [1]: par de cultivares/linhagens menos divergente e [2]: par de cultivares/linhagens mais divergente.

TABELA 4A. Contribuição relativa percentual dos caracteres para a divergência (D^2), analisada com base no critério de Singh (1981), entre 12 cultivares/linhagens de feijão avaliados no inverno/97, águas97/98, seca/98 e nas quatro épocas (média). Lavras-MG, 1997/98.

Características	Inverno/97[1,2]	Águas97/98[1,2]	Seca/98[1,2]	Inverno/98[1,2]	Média[1,2]
Produção	1,42	6,55	3,42	4,12	2,67
Peso de 100 sementes	2,81	0,29[1]	35,66[2]	1,64	30,63[2]
Nº de dias de florescimento	18,30	26,94[2]	28,30	54,90[2]	26,43
Porte	20,69	9,98	0,02[1]	1,12	6,82
Nº de vagem/planta	3,71	7,28	7,77	7,59	0,77[1]
Nº de sementes/vagem	8,56	3,19	7,66	5,04	6,81
Nº de internódios	15,33	19,36	10,25	13,15	11,94
Inserção da 1ª vagem	23,64[2]	4,37	2,90	1,37[1]	3,51
Nº de ramos	1,23[1]	2,34	0,44	2,41	1,39
Haste principal	4,31	19,70	3,58	8,66	9,03

Nº: número; 1ª: primeira; [1]: caráter que menos contribuiu para a divergência; [2]: caráter que mais contribuiu para a divergência,

TABELA 5A. Coeficiente de correlação entre as distâncias de Mahalanobis (D^2) correspondentes ao inverno/97, águas97/98, seca/98, iverno/98 e nas quatro épocas (média). Lavaras-MG, 1997/98.

	Inverno/97[1]	Águas/98[1]	Seca/98[1]	Inverno/98[1]	Média[1]
Inverno/97	-	0,52**	0,60**	0,55**	0,81**
Águas97/98		-	0,57**	0,55**	0,74**
Seca/98			-	0,43**	0,72**
Inverno/98				-	0,78**
Média					-

[1]: significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste de t.

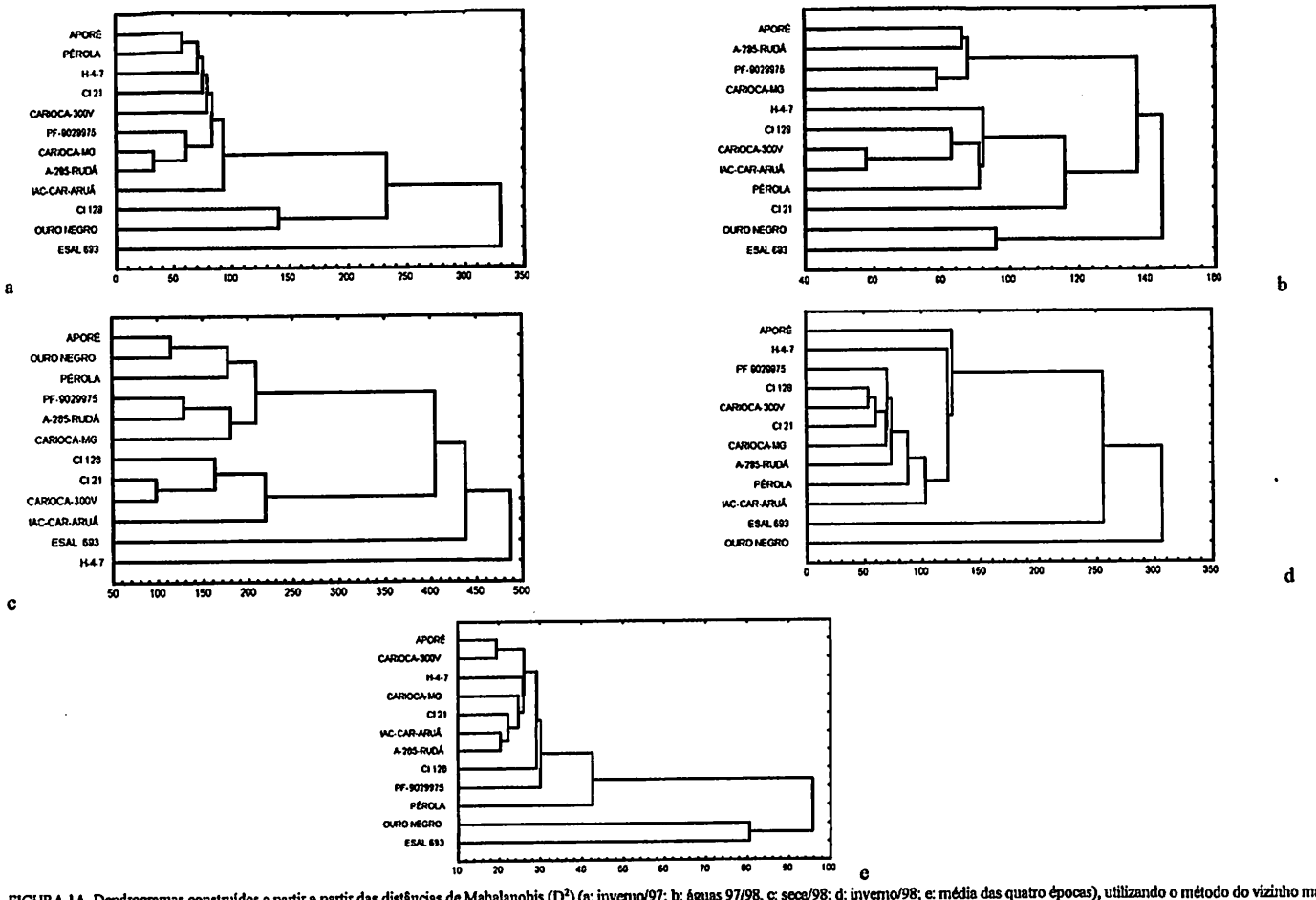

FIGURA 1A. Dendrogramas construídos a partir a partir das distâncias de Mahalanobis (D^2) (a: inverno/97; b: águas 97/98, c: seca/98; d: inverno/98; e: média das quatro épocas), utilizando o método do vizinho mais próximo.

CAPÍTULO 2

ESCOLHA DE GENITORES DE FEIJÃO POR MEIO DAS ESTIMATIVAS DA CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO

ESCOLHA DE GENITORES DE FEIJÃO POR MEIO DAS ESTIMATIVAS DA CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO

RESUMO

A obtenção de cultivares geneticamente superiores é o principal objetiv dos programas de melhoramento, os quais têm sua eficiência aumentada a parti da escolha criteriosa dos genitores. Neste contexto, o objetivo desse trabalho fo escolher as populações de feijão mais promissoras para a seleção de linhagen com base nas capacidades geral e específica de combinação dos genitores relativas à produção de grãos. Para isso, avaliaram-se as capacidades geral específica de combinação, por meio de um dialelo completo, entre doz cultivares/linhagens. Os genitores e as populações segregantes F_2 foran avaliados utilizando-se o delineamento látice quadrado triplo 9x9 por meio d produção de grãos. Verificou-se que as populações segregantes diferiram quant à produtividade de grãos, com predominância de efeitos não aditivos, sendo qu os efeitos aditivos também foram significativos. Entre as populações envolvend os genitores com valores positivos de g_i, as populações Aporé x CI-128 CI-128 x Pérola, PF-9029975 x Ouro Negro, e CI-128 x Ouro Negro exibiran também valores positivos de s_{ij} e elevadas produções de grãos, sendo as mai promissoras para seleção de grãos. As maiores capacidades específicas d combinação foram observadas com as populações H-4-7 x ESAL 693, CI-128 Pérola e A-285 Rudá x IAC Carioca Aruã, que devem ser as mais segregantes As combinações híbridas que apresentaram alta CEC e possuem pelo menos, un genitor com alta CGC foram: Pérola x CI-128 e Ouro Negro x Pérola. Contudo a linhagem ESAL 693, apesar de ter apresentado o menor valor de g_i (-365,58) apresentou o maior valor para CEC e heterose, 1181,44 e 57,81 respectivamente. A alta correlação da heterose com a CEC indica que e heterose poderá ser usada quando a CEC não for significativa.

CHOICE OF BEAN PARENTS BY MEANS OF THE ESTIMATES OF COMBINING CAPACITY

ABSTRACT

The obtaining of genetically higher cultivars is the main objective o breeding programs, which has their efficiency increased from the judicious choice of parents. In this approach, the purpose of this work was to choose the most promising populations of beans for line selection on the basis of both

general (GCA) and specific (SCA) combining capacity of parents, relative to grain yield. So, the general and specific combining capacities were evaluated by means of a complete diallel among twelve cultivars/lines. The parents and the F_2 segregating populations were evaluated by utilizing the 9x9 triple square lattice design by means of grain yield. It was found that segregating populations differed as to grain yield , with the predominance of non-additive effects, being that the additive effects were also significant. Among the populations involving the parents with positive values of g_i , the populations Aporé x CI-128, CI-128 x Pérola, PF-9029975 x Ouro Negro and CI-128 x Ouro Negro showed also positive values of s_{ij} and high grain yields, their being the most promising for grain selection . The highest specific combining capacities were observed in the populations: H-4-7 x ESAL 693, CI-128 x Pérola and A-285 Rudá x IAC Carioca Aruã, which should be the most segregating . The hybrid combinations which presented high SCA and possess at least a parent with a high GCA were : Pérola x CI-128 and Ouro Negro x Pérola. However the line ESAL 693, instead of having presented the poorest value of g_i (- 365,58), presented the highest value for SCA and heterosis (1181,44 and 57,81), respectively. The high heterosis correlation with SCA denotes that heterosis will be able to be used when SCA will not be significant .

1 INTRODUÇÃO

A obtenção de cultivares geneticamente superiores é o principal objetivo dos programas de melhoramento, os quais têm sua eficiência aumentada a partir da escolha criteriosa dos genitores.

Não obstante, no melhoramento do feijoeiro, quando se deseja obter populações segregantes promissoras, algumas dificuldades são encontradas, sendo, uma delas, como escolher os genitores a serem utilizados nos programas de melhoramento.

Entre as metodologias da escolha dos genitores, uma das mais utilizadas é o cruzamento dialélico (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). Dentre os vários métodos empregados na análise do dialelo, destaca-se o proposto por Griffing (1956), que fornece informações das capacidades geral e específica de combinação. Entre as alternativas de análise sugeridas por Griffing (1956), o

método IV, que considera o desempenho só dos híbridos, vem sendo um dos mais empregados, principalmente por permitir estimar as capacidades específicas de combinação exatas (Cruz e Vencovsky, 1989) e por utilizar apenas os cruzamentos. A metodologia de Griffing (1956) tem por finalidade analisar o delineamento genético, promovendo estimativas de parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres. Em razão da capacidade geral de combinação depender predominantemente dos efeitos aditivos dos genes, ela informa sobre o potencial das populações segregantes para a seleção de linhagens com alta produtividade de grãos (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). A mesma vem sendo o parâmetro mais utilizado para a escolha das populações segregantes promissoras, que devem ter médias favoráveis e alta variabilidade genética. Já a capacidade específica de combinação, por depender predominantemente dos efeitos não aditivos dos genes, permite identificar as populações potencialmente mais úteis para liberar variabilidade nas gerações segregantes (Veiga, Nunes e Santos, 1998). Os autores constataram que a soma da capacidade geral dos genitores é altamente correlacionada com as médias da geração F_2 e $F\infty$.

Sendo assim, a metodologia de Griffing (1956) tem sido vantajosa, por avaliar as capacidades geral e específica de combinação do material utilizado, bem como permitir o conhecimento do tipo de ação gênica predominante no controle do caráter quantitativo em estudo. Neste contexto, o objetivo do trabalho foi o de escolher as populações de feijão mais promissoras para a seleção de linhagens, com base nas capacidades geral e específica de combinação dos genitores, relativas à produção de grãos, estimadas pelo dialelo, e verificar a associação entre a capacidade especifica de combinação e heterose.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi conduzido no campo experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA). Lavras é um município situado na região sul do estado de Minas Gerais, a 910 metros de altitude, 21°45'S de latitude e 45°00'W de longitude. O solo do local dos experimentos é classificado como latossolo vermelho escuro distrófico, fase cerrado.

2.1 Material utilizado

Algumas características dos cultivares e linhagens que foram utilizadas estão relacionadas na tabela 1. Eles foram intercruzados em esquema dialélico completo (Griffing, 1956). Os cruzamentos foram realizados conforme sugerido por Vieira (1967).

2.2 Avaliação das populações segregantes

As avaliações do comportamento dos genitores e das populações segregantes F_2 foram feitas utilizando o delineamento látice triplo 9 x 9. Cada parcela constituiu-se de duas linhas de dois metros de comprimento, com espaçamento de 50 cm entre as linhas, sendo semeadas 15 sementes por metro linear. Adicionalmente, foram incluídas as testemunhas CII-244, CII-348; IAPAR-81, LH-9, Carioca, B1 e LH-11. As estimativas das capacidades geral e específica foram feitas com base na produtividade de grãos das populações segregantes.

Como adubação, foi empregado o equivalente a 400 kg/ha da fórmula 4-14-8 (N, P_2O_5, K_2O). A adubação nitrogenada em cobertura foi realizada aos 20 dias após a emergência, utilizando 150 kg/ha de sulfato de amônio. Foram

feitas irrigações por aspersão complementares e foram realizados os demais tratos culturais comuns para a cultura.

TABELA 1. Origem, genealogia, hábito de crescimento, cor do tegumento e peso de 100 sementes dos 12 cultivares/linhagens de feijão. Lavras-MG, 1999.

Cultivares	Origem	Genealogia[2/]	Hábito de[1/] crescimento	Cor do tegumento	Peso de 100 sementes em (g)
1-Aporé	CNPAF	(Carioca/México 168)//(Carioca/Bat76)	III	Bege com estrias marrom	27
2-H-4-4-7	UFLA	(EMGOPA 201 Ouro/Carioca)	III	Bege com estrias marrom	21
3-PF - 9029975	CNPAF	Seleção no ESAL 582 (Carioca80/Rio Tibagi)	II	Bege com estrias marrom	17
4-CI - 128	UFLA	Seleção recorrente	III	Bege com estrias marrom	25
5-Carioca - MG	UFLA	(Carioca 80/Rio Tibagi)	II	Bege com estrias marrom	18
6-CI - 21	UFLA	Seleção recorrente	III	Bege com estrias marrom	22
7-Carioca 300 V	UFLA	Seleção no Carioca	III	Bege com estrias marrom	22
8-Ouro Negro	CIAT	Int. de Honduras (Hond. 35)	III	Preto	24
9-A-285 Rudá	CIAT	(Carioca/Rio Tibagi)	II	Bege com estrias marrom	16
10-ESAL 693	UFLA	(Carioca TU/Linha 3272)	I	Bege com estrias marrom	19
11-Pérola	CNPAF	Seleção no Aporé	II/III	Bege com estrias marrom	23
12-IAC Carioca Aruã	IAC	(Cornell 49-242/AB-136)	II/III	Bege com estrias marrom	25

[1/] I- hábito de crescimento determinado; II- hábito de crescimento indeterminado com guias curtas; III- hábito de crescimento indeterminado com guias longas; [2/]: cruzamento simples; //: cruzamento duplo.

2.3 Análise genética e estatística dos dados

A produtividade de grãos das populações segregantes foi analisada de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijw} = u + t_i + r_j + b_{w(j)} + e_{ijw},$$

Em que:

Y_{ijw}: é a observação referente ao tratamento "i" no bloco "w" dentro da repetição "j";

u: é a média geral;

t_i: é o efeito fixo do tratamento "i", sendo (i = 1, ...81);

r_j: é o efeito aleatório da repetição "j", sendo (j = 1, ...3);

$b_{w(j)}$: é o efeito aleatório do bloco "w", na repetição "j", sendo (w = 1, ...9);

e_{ijw}: é o efeito do erro da parcela que recebeu o tratamento "i", no bloco "w", dentro da repetição "j", e ~N (0, σ^2).

Inicialmente realizou-se a análise de variância do látice utilizando o programa MSTAT-PC (1991), para a obtenção do quadrado médio do resíduo (QMR) e da média dos tratamentos ajustados que foram utilizados na análise dialélica. A análise dialélica foi efetuada utilizando o método IV, proposto por Griffing (1956). Por meio deste procedimento, foram estimados os efeitos e as somas de quadrados de efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), a partir da produtividade de grãos das populações segregantes. Considerou-se o efeito fixo de tratamentos, conforme Cruz e Regazzi (1997), a partir do seguinte modelo:

$$\bar{Y}_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

Em que:

$\bar{Y}_{ij}$: valor médio do híbrido ij(i,j = 1, 2 ,...p , i < j);

m: média geral ;

g_i, g_j: efeitos da capacidade geral de combinação do i-ésimo e j-ésimo, genitor, respectivamente;

s_{ij}: efeito da capacidade específica de combinação dos cruzamentos entre os progenitores de ordem i e j;

$\bar{e}_{ij}$: é o erro associado à estimativa da média dos cruzamentos.

A análise dialélica foi realizada utilizando o programa GENES (Cruz, 1997).

Como não foi possível a obtenção de quatro das 66 combinações híbridas, para a estimativa dos parâmetros do modelo foi necessário utilizar o método dos quadrados mínimos, conforme relatam Vencovsky e Barriga (1992), ou seja, obteve-se a solução da equação normal do tipo $X'X\beta = X'Y$,

Em que:

"X" é a matriz do modelo, no presente estudo.

$$
{}_{62}X_{13} = \begin{array}{c}
\begin{array}{ccccccccccccc} m & g_1 & g_2 & g_3 & g_4 & g_5 & g_6 & g_7 & g_8 & g_9 & g_{10} & g_{11} & g_{12} \end{array} \\
\begin{bmatrix}
1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
. & . & . & . & . & . & . & . & . & . & . & . & . \\
. & . & . & . & . & . & . & . & . & . & . & . & . \\
. & . & . & . & . & . & . & . & . & . & . & . & . \\
1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1
\end{bmatrix}
\end{array}
$$

Em que:

X' é a transposta de X

$\underset{\sim}{Y}$ é o vetor coluna das observações, isto é:

$$
{}_{62}Y_1 = \begin{bmatrix} C_{12} \\ C_{13} \\ . \\ . \\ . \\ C_{11\cdot 12} \end{bmatrix}
$$

$\underset{\sim}{\beta}$ é o vetor coluna dos parâmetros, no caso:

$$
{}_{13}\beta_1 = \begin{bmatrix} M \\ g_1 \\ g_2 \\ g_3 \\ g_4 \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ g_{12} \end{bmatrix}
$$

Em virtude da matriz X não possuir posto coluna completo, uma solução para o $\underset{\sim}{\beta}$ é obtida pelas soluções do sistema de equações normais dado por: $\underset{\sim}{\beta} = (X'X)^G X'Y$, em que $(X'X)^G$ é alguma inversa generalizada de X'X e variam conforme a escolha da G-inversa. Como $X'X$ é singular, ou seja, não tem inversa única, foi necessário utilizar a restrição paramétrica $(\sum_{i=1}^{12} n_i g_i = \phi)$ de Searle (1976), onde n_i é o número de cruzamentos envolvendo cada parental. Desse modo, a matriz X'X aumentada passou a ser:

$$
X'X = \begin{bmatrix}
62 & 9 & 11 & 10 & 11 & 11 & 11 & 10 & 11 & 10 & 9 & 11 & 10 & 0 \\
9 & 9 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 9 \\
11 & 1 & 11 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 11 \\
10 & 0 & 1 & 10 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 10 \\
11 & 1 & 1 & 1 & 11 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 11 \\
11 & 1 & 1 & 1 & 1 & 11 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 11 \\
\cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
0 & 9 & 11 & 10 & 11 & 11 & 11 & 10 & 11 & 10 & 9 & 11 & 10 & 0
\end{bmatrix}
$$

A partir de $(X'X)^{-1}$ aumentada, foi obtida a estimativa de mínimos quadrados para o vetor $\hat{\beta}$, ou seja:

$$\begin{bmatrix} \\ \hat{\beta} \\ \cdots \\ \lambda \end{bmatrix} = (X'X \text{ aumentada})^{-1} \quad x \quad \begin{bmatrix} X'Y \\ \\ \cdots \\ 0 \end{bmatrix};$$

Em que:

λ: é multiplicador de Lagranje.

Para testar se o modelo foi suficiente para explicar os dados obtidos, fez-se uso das seguintes expressões:

$$SQ_{MODELO} = \beta'X'Y - C$$

$$SQ_{DOS\ DESVIOS} = Y'Y - \beta'X'Y$$

$$SQ_{TOTAL} = Y'Y - C$$

O fator de correção C foi obtido pela expressão: $C = \frac{(\Sigma Y_{ij})^2}{n}$

Em que:

$(\Sigma Y_{ij})^2$= Somatório ao quadrado das médias das combinações híbridas;

n= Quantidade de combinações obtidas.

E assim, testou-se a hipótese de que as capacidades geral e específica de combinação foram igual a zero.

A variância da estimativa da capacidade geral de combinação foi obtida utilizando a diagonal da matriz $(X'X)^{-1}$ aumentada multiplicado pelo quadrado médio do resíduo (QMR) da análise, dividida pelo número de dados que originou a média.

Foram estimadas as heteroses em porcentagem em, relação à média dos pais, pela expressão:

$$h_{ij}(\%) = \frac{2\bar{F}_2 - \bar{P}_i - \bar{P}_j}{\bar{P}_i + \bar{P}_j}$$

Onde:

h_{ij}: heterose média da geração F_2 do cruzamento do pai i com o pai j;

$\bar{F}_2$: produção média de grãos da geração F_2 do cruzamento do pai $_i$ com o pai $_j$;

$\bar{P}_I, \bar{P}_J$: produção média de grãos do pai i e do pai j, respectivamente.

A correlação de posição entre a heterose e a CEC foi obtida utilizando o programa GENES (Cruz, 1997) para verificar a associação desses parâmetros.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resultado da análise de variância da produção de grãos, encontra-se na Tabela 1B. O teste de F indicou diferença significativa a 1% de probabilidade para os tratamentos, o que permite inferir que existem diferenças genéticas entre as populações segregantes. O látice foi pouco eficiente devido à área experimental ter sido pequena e consequentemente mais uniforme. Já a precisão experimental, medida por meio do coeficiente de variação, é aceitável, pois está entre os valores geralmente obtidos em experimentos com o feijão para esse caráter (Ramalho, Santos, Zimmermann, 1993 e Abreu, 1997).

A decomposição da soma de quadrados das populações nas capacidades geral (CGC) e específica de combinação (CEC) está apresentada na Tabela 2B. O quadrado médio referente à capacidade geral de combinação foi significativo a 5% de probabilidade, enquanto que, para a capacidade específica de combinação, ele foi significativo a 1%. Em acordo com esses resultados, o componente genético quadrático da CEC é cerca de quatro vezes superior ao componente da CGC, os quais podem ser estimados a partir da Tabela 2B. A possível explicação para a superioridade da CEC reside no fato dos

cultivares/linhagens estudados serem selecionados de ensaios anteriores, e, portanto, adaptados. Sprague e Tatum (1942); Lonquist e Gardner (1961); Allard (1971) e Vencovsky (1980) relatam que adotando-se esse procedimento, ocorre uma seleção prévia para a CGC, sendo assim, a variância genética para efeitos aditivos é reduzida, aumentando consequentemente a importância dos efeitos gênicos não aditivos. Ferreira (1993), em milho, verificou diferenças significativas somente para a (CGC), não se constatando diferenças significativas para a (CEC), considerando apenas um local. Porém, considerando três locais, foram verificadas diferenças significativas para CEC. No entanto, o autor relata que essas diferenças foram atribuídas ao grande número de graus de liberdade associados. Já Abreu (1997), em feijão, observou que houve efeito significativo tanto da CGC quanto da CEC. A autora verificou, também, que essas duas fontes de variações apresentaram magnitudes semelhantes às dos quadrados médios, indicando que essas duas estimativas contribuíram igualmente para explicar a variação constatada no dialelo.

Vencovsky (1987) relata que a capacidade de combinação refere-se ao desempenho do material em combinações híbridas, ou seja, ela é medida pela diferença entre a média dos híbridos em que participa uma determinada população.

Segundo Griffing (1956), a CGC está associada aos efeitos aditivos dos genes, e corresponde ao comportamento médio dos genitores em combinações híbridas. Sendo assim, pode-se afirmar que os genitores que apresentam as mais altas estimativas de CGC deverão gerar populações com maiores médias. Contudo, no processo de escolha de genitores, apenas a maior média da população não é suficiente para a sua escolha, uma vez que se os genitores forem geneticamente semelhantes, a população apresentará uma variabilidade restrita, reduzindo a chance de seleção de linhagens superiores. A CEC, por sua vez, está associada aos efeitos não aditivos dos genes, como a dominância e as

interações epistáticas, e refere-se ao comportamento da população, proveniente de dois genitores, não explicado pelas CGC dos mesmos, ou seja, ela mede o grau de complementação alélica. Diante do exposto, fica evidente, pelos resultados apresentados, que a magnitude superior da CEC, em relação à CGC, indica que há cruzamentos que devem liberar mais variabilidade do que outros. Portanto, os resultados do dialelo, relativos à produção de grãos, sugerem que esse esquema de cruzamento dever ser eficiente na escolha de genitores mais promissores entre os cultivares e linhagens avaliados. Isso porque há oportunidade de escolher cruzamentos promissores, isto é, aqueles com altos valores de CEC e provenientes de genitores com as maiores magnitudes de CGC. A disponibilidade de tais cruzamentos implica que os mesmos devem liberar variabilidade suficiente para a seleção e, entre as linhagens a serem selecionadas, há maior probabilidade que elas tenham produtividades elevadas.

Nos programas de melhoramento já em andamento, como é o presente caso do feijão, normalmente são intercruzadas as linhagens superiores já selecionadas em programas anteriores e também os melhores cultivares já em uso (Fehr, 1987). Entretanto, um problema dessa prática consiste no aumento do grau de parentesco entre os materiais superiores utilizados como genitores. A consequência do uso desses genitores é o fato de muitos cruzamentos entre aqueles mais aparentados gerarem populações segregantes com reduzida variabilidade.

Quando se dispõe de informações sobre o grau de parentesco dos genitores, em algumas oportunidades ele tem permitido antever o nível de variabilidade a ser liberada nas populações segregantes (Murphy, Cox e Rodgers, 1986; Baenziger e Peterson, 1991). No entanto, existem também situações quando o grau de parentesco não é um bom indicador da variabilidade que ocorre nas populações segregantes (Moll, Salhuana e Robinson, 1962; Oliveira, 1989; Helms et al., 1997). Tal fato ocorre porque nem sempre se

conhece suficientemente a genealogia dos genitores. Além disso, em razão da maioria dos genitores serem cultivares ou linhagens melhorados, e portanto selecionados, o grau de parentesco nem sempre constitui um indicador eficiente dos seus genitores e da variabilidade a ser gerada na descendência dos mesmos. Por essas razões é que informações de desempenho das progênies dos genitores são mais úteis para se prever os seus potenciais.

No presente estudo, onde os genitores são do grupo Carioca, todos são representados por linhagens selecionadas e cultivares em uso pelos agricultores. Portanto, com exceção apenas do cultivar Ouro Negro, de sementes pretas, é provável que o grau de parentesco dos mesmos seja elevado. Consequentemente, esta é a situação onde a escolha dos genitores ou das populações segregantes mais promissoras deve assegurar maior sucesso do programa.

Embora o material utilizado seja constituído de genótipos selecionados em ensaios anteriores e aparentados, a produção de grãos ainda exibe considerável variabilidade, devida à predominância de efeitos gênicos não aditivos, assim como de efeitos aditivos em menor proporção (Tabela 2B). Depreende-se, assim, que métodos de melhoramento que tiram vantagem de ambas as variâncias e sobretudo da porção não aditiva da variância genética, poderão ser empregados para esse caráter na busca de maiores ganhos. Como se sabe, o efeito de dominância é uma parcela importante dos efeitos não aditivos, embora ele não seja explorado quando se selecionam linhagens. No entanto, há evidências, em soja, de CEC altamente significativas, mesmo em populações de gerações avançadas, como F_8 e F_9, atribuídas aos efeitos epistáticos, os quais devem ser um componente importante da produção de grãos das linhagens (Pulcinelli, 1997).

Deve-se considerar, também, que efeitos da interação de genótipos por ambientes não puderam ser estimados, em virtude da pequena disponibilidade de sementes para a avaliação das populações em diferentes ambientes. Caso

ocorra tal interação, ela pode alterar as estimativas dos parâmetros genéticos, uma vez que ela é incorporada aos efeitos das capacidades combinatórias (Ramalho , Santos e Pereira Filho, 1988). Portanto, a avaliação das populações em outros ambientes, onde se pratica a cultura, contribuirá para aumentar a eficiência de identificação daquelas mais promissoras.

As estimativas da capacidade geral de combinação (g_i), para cada cultivar/linhagem genitora, encontra-se na tabela 3B. Baixa estimativa de g_i indica que o valor da capacidade geral de combinação do cultivar/linhagem, não difere muito da média geral dos cruzamentos dialélicos. Por outro lado, altas estimativas, positivas ou negativas, indicam que o genitor em questão é melhor ou pior que os demais cultivares/linhagens incluídos no dialelo, com relação ao comportamento médio dos cruzamentos (Griffing, 1956; Vencovsky, 1969). Esses valores correspondem à frequência de alelos aditivos dos genitores, favoráveis ou desfavoráveis para a produção de grãos. Consequentemente, os genitores com os maiores valores de g_i devem gerar as populações segregantes com as maiores médias, de onde se pode selecionar linhagens também com alta produtividade de grãos.

Analisando os resultados apresentados na Tabela 3B, verifica-se que os cultivares/linhagens Aporé, PF-90975, CI-128, Ouro Negro e Pérola apresentaram valores positivos de g_i, sendo, portanto, os mais promissores para gerar populações com alta média. Contudo, a linhagem ESAL 693 apresentou o maior valor negativo de g_i, sendo a diferença, em relação ao maior valor positivo, igual a 5,2 vezes o desvio padrão de g_i. O baixo potencial produtivo dessa linhagem já era esperado, uma vez que ela é a única de hábito de crescimento tipo I, enquanto os demais são de hábito II e III (Tabela 1). Diante do exposto, destaca-se, para maior produtividade, o cultivar Aporé, seguido dos cultivares/linhagens Ouro Negro , CI-128, PF-902975 e Pérola.

As estimativas da capacidade específica de combinação (s_{ij}), referentes às 62 populações, encontram-se também na Tabela 3B. Valores baixos de s_{ij} indicam que as populações exibem produções de grãos, previstas pela capacidade geral de combinação de seus genitores. Contudo, valores altos (positivos ou negativos) de s_{ij} indicam que o comportamento de um cruzamento particular é relativamente melhor ou pior do que o esperado, com base na CGC. Essas estimativas indicam presença de efeitos de dominância e/ou de epistasia (Griffing, 1956; Pulcinelli, 1997).

Percebe-se que a parcela da produção de grãos da populações H-4-7 x ESAL 693 e PF-9029975 x Pérola, devida à s_{ij}, foram de (1181,44 e -1083,75 kg/ha) respectivamente, além do esperado com base na CGC. Apesar dos baixos valores de CGC dos genitores, na população segregante espera-se ampla variabilidade, havendo chance de seleção de linhagens com alta produtividade, especialmente quando houver interesse de obtenção de cultivares de hábito I e precoces. Por outro lado, as populacões provenientes dos genitores Aporé, PF-90975, CI-128, Ouro Negro e Pérola apresentaram efeitos da CEC em sua maioria negativos. Apesar de apresentarem altos valores de CGC e portanto, altas médias, devem liberar reduzida variabilidade, não sendo assim as mais adequadas para a seleção de linhagens.

Entretanto, entre as populações envolvendo os genitores com valores positivos de g_i, as populações Aporé x CI-128, CI-128 x Pérola; PF-9029975 x Ouro Negro e CI-128 x Ouro Negro também exibiram valores positivos de s_{ij} e elevadas produções de grãos, sendo assim, as mais promissoras para a seleção de linhagens. Merecem destaque as duas primeiras populações, não só pelas maiores produtividades, mas também pelo fato dos genitores possuírem grãos tipo carioca, facilitando significativamente a obtenção de linhagens com tipo de grãos aceitáveis pelo consumidor. Observa-se, também, que as maiores produções médias foram apresentadas pelas populações em que pelo menos um

dos genitores apresentam efeito positivo da CGC. Conforme relatam Cruz e Vencovsky (1989), o híbrido mais favorável é aquele de maior capacidade específica de combinação, no qual um dos genitores apresenta a maior capacidade geral de combinação, ou seja, esse híbrido resulta do cruzamento entre o genitor selecionado com base na CGC e aquele cuja frequência de alelos favoráveis é superior à frequência média da população e que apresenta considerável divergência em relação ao cultivar com o qual está sendo cruzado.

Diante do presente resultado, é importante salientar que, mesmo dentro de um grupo de cultivares/linhagens adaptados de feijão, existem algumas combinações que se complementam melhor em cruzamento, como as combinações H-4-7x ESAL 693, 285 Rudá x IAC Carioca Aruã, PF-9029975 x IAC Carioca Aruã, que apresentaram produções, capacidade específica e heteroses de grande magnitudes. No entanto, a capacidade geral de combinação das mesmas foi negativa, com exceção da linhagem PF-9029975. Apesar deste fato, vale ressaltar, pelos resultados apresentados na Tabela 3B, que existe possibilidade de liberação de variabilidade nestas populações, principalmente para produção de grãos, e esta deve ser explorada visando a seleção de linhagens superiores. Deve ser enfatizado, também, que a identificação de tais cruzamentos foi possível a partir das estimativas de g_i e s_{ij} fornecidas pelo dialelo.

As estimativas da heterose (Tabela 3B) foram coerentes com as estimativas da CEC, ou seja, combinações híbridas com valores altos de CEC apresentaram valores altos de heterose, como indicada pela elevada correlação entre a heterose e a CEC ($r= 0,71^{**}$). Tal associação sugere que a heterose pode ser usada na escolha das populações potencialmente mais segregantes, quando a CEC não for significativa.

Conforme relata Falconer (1987), a heterose (h) é função da expressão $h= \Sigma dY^2$, sendo Y a diferença das frequências alélicas entre os dois genitores e d

é a contribuição dos locos em heterozigose em relação à contribuição média dos homozigotos. Sendo assim, a heterose manifestada em um híbrido depende da dominância direcional e do quadrado da diferença da frequência gênica entre as populações, em relação aos locos considerados (Falconer, 1981). E se os genitores não diferirem em frequência alélica e ou se não houver dominância, não ocorrerá heterose. Sendo assim, desde que ocorra dominância na expressão do caráter, a heterose será tanto mais expressiva quanto maiores forem as diferenças morfológicas e agronômicas entre os pares de genitores. Essas diferenças morfológicas e agronômicas caracterizam a divergência genética (Abreu, 1997). Depreende-se, assim, que o conceito de capacidade específica de combinação e heterose são muito semelhantes.

Shamsuddin (1985) observou a existência de efeitos significativos da heterose e da capacidade específica de combinação, na produção de trigo e seus componentes, apenas em híbridos de genitores pertencentes a diferentes grupos.

4 CONCLUSÕES

1- As diferenças de produtividade de grãos das populações F_2 foram explicadas principalmente pela capacidade específica de combinação, a qual constitui-se em um eficiente preditor da variabilidade das mesmas;

2- Entre as populaões envolvendo os genitores com valores positivos de g_i, as populações Aporé x CI-128, CI-128 x Pérola, PF-9029975 x Ouro Negro e CI-128 x Ouro Negro também exibiram valores positivos de s_{ij} e elevadas produções de grãos, sendo, assim, as mais promissoras para a seleção de linhagens;

3- A correlação significativa entre CEC e heterose indica que ambas as estimativas são úteis para prever as populações potencialmente mais segregantes.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A. de F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais.** Lavras:UFLA, 1997. 79 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

ALLARD, R.W. **Princípios de melhoramento genético das plantas.** Editora Edgard Blucher, São Paulo. 1971. 381 p.

BAENZIGER, P.S.; PETERSON, C.J. Genetic variation: Its origin and use for breeding self-pollinated species. In: STALKER, H.T.; MURPHY, J.P. **Plant Breeding in the 1990's**. Raleigh: North Carolina State University, 1991.p.69-100.

CRUZ, C.D. **Programa Genes:** aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa:UFV, 1997, 442 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa:UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética,** Ribeirão Preto, v.12,n.2,p.425-438, 1989.

FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. **Viçosa**: UFV, Imprensa Universitária, 1981. 279 p.

FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. **Viçosa**: UFV, Imprensa Universitária, 1987. 279 p.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development.** New York: MacMillan, 1987. 536 p.

FERREIRA, D.F. **Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos.** Lavras:UFLA, 1993. 72 p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

GRIFFING, J.B. Concept of general and specifc combining ability in relation to diallel systems. **Australian Journal of Biological Science,** Melbourne, v.9,p.463-493,1956.

HELMS, T.; ORF, J.; VALLAD, G. et al. Genetic variance, coefficient of parentage, and genetic distance of six soybean populations. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.94,n.1,p.20-26, Jan. 1997.

LONQUIST, J.H.; GARDNER, C.O. Heterosis in inter-varietal crosses in maze and its implication in breeding procedure. **Crop Science,** Madison, n.1,p.179-183, 1961.

MOLL, R.H.; SALHUANNA, W.S.; ROBINSON, H.F. Heterosis and genetic diversity in varietis crosses of maize. **Crop Science,** Madison, v.2,n.3,p.197-198, 1962

MSTAT-C. A software program for the design, management, and analysis of agronomic research experiments. **Michigan State University, USA.** 1991.

MURPHY, J.P.; COX, T.S.; RODGERS, D.M. Cluster analysis of red winter wheat cultivars based upon coefficient of parentage. **Crop Science,** Madison, v.26,n.4,p.672-676, Aug. 1986.

OLIVEIRA, E.J. de. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.).** Viçosa:UFV, 1989. 91p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

PULCINELLI, C.E. **Avaliação de cruzamentos dialélicos de soja em gerações avançadas de endogamia.** ESALq/USP, 1997. 165 p. (Tese-Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos.; PEREIREA FILHO, I.A. Choice of parents for dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding. I. Interactions of mean components by generation and by location. **Revista Brasileira de Genética,** Ribeirão Preto, v.11,n.2,p.391-400, June 1988.

RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B. dos, ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas:** aplicações no melhoramento do feijoeiro, Goiânia: UFV, 1993. 271 p.

SEARLE, S.R. **Linear models for unbalanced data.** New York: Wiley, 1976. 536 p.

SHAMSUDDIN, A.K.M. Genetic diversity in relation to heterosis and combining ability in spring wheat. **Theoretical Applied Genetics,** berlin, v.70,p.306-308, 1985.

SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General vs specific combining ability in single crosses of corn. **Journal American Society Agronomy,** Madison, v.34,n.10,p923-932, 1942.

VEIGA, R.D.; NUNES, G.H.S.; SANTOS, J.B. dos. **Associação de parâmetros do dialelo com a variabilidade de populações segregantes avaliada por simulação.** In: ENCONTRO MINEIRO DE GENETICISTAS 5, Sociedade Brasileira de Genética Regional Minas Gerais, Viçosa, 1998. p.65.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E. (org.). **Melhoramento e genética.** São Paulo: Melhoramento, 1969. p.17-38.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. **Melhoramento e produção de milho no Brasil.** Fundação Cargill, ESALQ, Piracicaba, 1980. p.122-199.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. **Melhoramento e produção de milho no Brasil.** 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.137-209.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de genética, 1992. 486 p.

VIEIRA, C. **O feijoeiro comum: cultura, doenças e melhoramento.** Viçosa: Imprensa Universitária, p.183-188, 1967.

ANEXOS

ANEXO

TABELA 1B. Resumo da análise de variância em látice triplo 9x9 da produção de grãos (kg/ha) dos genitores e das populações F_2. Lavras-MG, 1998

Fontes de variação	GL	QM (10^{-5})[1/]
Repetição	2	1,79
Tratamento		
não ajustado	80	8,76**
Ajustado	80	8,57**
Bloco/Repetição (Aj)	24	6,44
Erro		
Efetivo	136	4,37
bloco casual	160	4,49
Intrabloco	136	4,15
Total	242	-
Eficiência do látice	-	102,81
CV (%)	-	21,14
Média Geral	-	3126,22

[1/]**: significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste de F.

TABELA 2B. Resumo da análise de variância em blocos casualizados com a decomposição da soma de quadrado de populações nas capacidades geral e específica de combinação, relativa a produção de grãos (kg/ha). Lavras-MG, 1998.

Fontes de variação	GL	QM (10^{-5})[1/]	E(QM)[2/]
Populações	61	2,84**	
CGC	11	4,23*	$\sigma_\varepsilon^2+(p-2)\phi_g$
CEC	50	2,53**	$\sigma_\varepsilon^2+\phi_s$
Erro	122	1,46	σ_ε^2

[1/] * e ** : significativos respectivamente, nos níveis de 5% e 1% de probabilidade pelo teste de F; [2/]: componentes quadráticos utilizados para estimativa dos efeitos não aditivos em relação aos efeitos aditivos.

TABELA 3B. Estimativas da heterose (%), da capacidade específica de combinação s_{ij} (entre parênteses), acima da diagonal e da produção média de grãos (kg/ha) abaixo da diagonal e da capacidade geral de combinação (g_i) para o caráter produção de grãos. Lavras-MG, 1997/1998.

C/L	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1		0,11 (-342,02)	-	21,39 (394,89)	25,02 (887,57)	9,76 (-141,98)	-	-2,85 (-345,60)	-3,69 (-31,02)	4,90 (-116,98)	-7,35 (-547,47)	26,10 (242,60)
2	3299,16b		17,71 (89,81)	9,00 (-81,51)	-2,61 (-83,60)	28,79 (296,23)	3,50 (220,99)	-20,72 (-870,56)	-7,49 (-120,10)	**57,81[2] (1181,44)**	6,10 (-102,64)	14,41 (-188,04)
3	-	3289,73a		12,30 (-43,86)	5,39 (93,70)	9,15 (-266,60)	5,86 (229,29)	17,15 (241,73)	23,88 (821,05)	-2,57 (-393,65)	**-24,44[3] (-1083,75)**	36,35 (312,29)
4	4237,96a	3166,67b	3357,96a		-7,14 (-240,77)	-6,57 (-626,99)	7,09 (338,01)	14,90 (249,22)	-0,78 (83,67)	-11,06 (-562,49)	42,22 (1027,59)	0,39 (-537,77)
5	4504,20a	2938,15b	3269,08b	2982,86b		1,01 (-79,06)	-29,42 (-544,34)	1,76 (159,11)	-15,86 (-101,20)	-6,24 (-101,59)	5,06 (214,25)	0,21 (-204,06)
6	3448,81a	3292,13b	2882,93b	2570,79b	2892,30b		2,27 (76,80)	8,73 (-80,01)	-8,26 (-234,83)	15,79 (7,22)	45,52 (874,90)	35,62 (174,32)
7	-	3164,42b	3326,34b	3483,32a	2374,54b	2969,84b		16,60 (787,18)	-28,91 (-445,63)	-7,96 (-34,24)	-12,02 (-223,13)	-11,21 (-404,93)
8	3561,78a	2441,93b	3707,86a	3763,61a	3447,06a	3182,10b	3996,81a		-21,36 (-532,50)	3,88 (-43,46)	20,68 (503,64)	13,06 (-68,71)
9	3601,81a	2917,83b	4012,63a	3323,50b	2912,20b	2752,72b	2489,43b	2771,61b		-	-17,61 (-420,42)	36,93 (981,02)
10	3228,02b	3931,55a	2510,10b	2389,51b	2623,97b	2706,94b	2613,00b	2972,86b	-		9,88 (63,76)	-
11	3247,11b	3097,05b	2269,57b	4429,16a	3389,40a	4024,21a	2873,69b	3969,54a	2770,91b	2967,26b		6,73 (-306,72)
12	3831,92a	2806,39b	3460,35a	2658,55b	2765,83b	3118,37b	2486,63b	3191,93b	3967,11a	-	2841,11b	
g_i	**525,48[4]**	-69,41	84,23	132,48	-93,95	-119,79	-172,27	194,80	-77,75	**-365,58[5]**	83,10	-121,26

[1/]: Médias seguida pela mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott a 10% de probabilidade. [C/L]: cultivares/linhagens (1- Aporé, 2- H-4-7, 3- PF-9029975, 4- CI-128, 5- Carioca MG, 6- CI-21, 7- Carioca 300V, 8- Ouro Negro, 9- A-285 Rudá, 10- ESAL 693, 11- Pérola, 12- IAC Carioca Aruã); [2/]: par de cultivares/linhagens com maior valor de heterose e CEC; [3/]: par de cultivares/ linhagens com menor valor de heterose e CEC; [4/]: cultivar com maior valor de CGC e [5/]: linhagem com menor de CGC e [6/]: cruzamentos faltosos.

CAPÍTULO 3

EFICIÊNCIA DA ESCOLHA DE GENITORES DE FEIJÃO POR MEIO DA DISTÂNCIA GENÉTICA BASEADA EM MARCADORES RAPD

EFICIÊNCIA DA ESCOLHA DE GENITORES DE FEIJÃO POR MEIO DA DISTÂNCIA GENÉTICA BASEADA EM MARCADORES RAPD

RESUMO

Na escolha de genitores de feijão para o desenvolvimento de un programa de melhoramento, uma alternativa consiste na estimativa da distânci genética entre os genitores, por meio de marcador molecular. Tal procedimento é mais simples e rápido, pois dispensa as avaliações experimentais e a obtenção dos cruzamentos. Sendo assim, os objetivos deste trabalho foram: estimar a distância genética obtida por marcadores RAPD entre cultivares/linhagens adaptados de feijão e verificar se a distância genética estimada é eficiente na escolha de genitores promissores, por meio da correlação com alguns parâmetros do dialelo e com a distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Neste contexto foi estimada a distância genética por meio de marcadores RAPD entre doze cultivares/linhagens. As distâncias genéticas foram obtidas a partir do complemento do coeficiente de similaridade de Sorensen-Dice. O agrupamento destas distâncias foi realizado a partir do método de Tocher e a representação simplificada destas distâncias foi obtida por meio de um dendrograma utilizando o método hierárquico aglomerativo da média aritmética entre pares não ponderados (UPGMA). Os cultivares/linhagens foram agrupados em cinco grupos em ambos os métodos: Grupo I) ESAL 693, Grupo II) Ouro Negro Grupo III) IAC Carioca Aruã, Grupo IV) PF-9029975 e Grupo V) CI-21, CI-128, H-4-7, Aporé, Pérola, Carioca 300V, A-285 Rudá e Carioca MG. As menores distâncias foram obtidas entre Carioca MG e Carioca 300V, e A-285 Rudá e Carioca MG, e as maiores, entre ESAL 693 e Aporé, ESAL 693 e Carioca 300V, ESAL 693 e A-285 Rudá, ESAL 693 e Carioca MG e ESAL 693 e Pérola. Os resultados indicaram que os marcadores RAPD separaram os cultivares/linhagens em cinco grupos e forneceram resultados similares aos obtidos pela distância de Mahalanobis (D^2), quanto aos pares mais divergentes. Essa associação sugere que qualquer dos dois procedimentos de estimativa de distância são úteis para identificar a divergência quando o interesse do melhoramento é por vários caracteres agronômicos. Entretanto, eles não foram eficientes quando o interesse foi apenas a produtividade de grãos, como indicada pela falta de correlação com a capacidade específica de combinação, em virtude dos cultivares/linhagens terem exibido pequena variabilidade para este caráter.

EFFICIENCY OF THE CHOICE OF PARENTS OF BEANS BY MEANS OF THE GENETIC DISTANCE BASED ON RAPD MARKERS

ABSTRACT

In the choice of beans parents for the development of a breeding program, an alternative consists in estimating the genetic distance among the parents by means of a molecular marker. Such a procedure is simpler and faster, for its dismiss the evaluations and the obtaining of crosses. So, the purposes of this work were: to estimate the genetic distance obtained by RAPD markers among adapted cultivars/lines of beans and verify whether the genetic distance estimated is efficient in the choice of promising parents by means of the correlation with some parameters of the diallel and with Mahalanobis' generalized distance (D^2). In this approach, the genetic distance was estimated by means of RAPD markers among twelve cultivars/lines. Genetic distances were obtained from the complement of Sorensen-dice's similarity coefficient. The grouping of these distances was accomplished by Tocher's method and representation simplification of these distances was accomplished from a dendrogram obtained and also by the unweighted pair grouping means arithmetic hierarchical method (UPGMA). The cultivars/lines were grouped in five groups in both methods: Group I) ESAL 693, Group II) Ouro Negro, Group III) IAC Carioca Aruã Group IV) PF-9029975 and Group V) CI-21, CI-128, H-4-7, Aporé, Pérola, Carioca 300V, A-285 Rudá and Carioca MG. The least distances were obtained between Carioca MG and Carioca 300V and A-285 Rudá and Carioca MG and greatest between ESAL 693 and Aporé and ESAL 693 and Carioca 300V and ESAL 693 and A-285 Rudá and ESAL 693 and Carioca MG and ESAL 693 and Pérola. The results point to that RAPD markers separated the cultivars/lines into five groups and furnished results similar to those obtained by Malanobis distance as for the most divergent pairs. That association suggests that either of the procedures of distance estimate are useful to identify the divergence when the interest of breeding is for several agronomic characters. However , they were no efficient when the interest was only grain yield, as pointed out by the lack of correlation with specific combining capacity, due to the cultivars/lines having shown poor variability for that character.

1 INTRODUÇÃO

Na escolha de genitores de feijão para o desenvolvimento de un programa de melhoramento, pode-se utilizar o desempenho dos genitores *per se* avaliados experimentalmente, e também o desempenho das progênie provenientes do intercruzamento dos mesmos, como no esquema dialélico.

Uma alternativa consiste na estimativa da divergência genética entre o genitores, por meio de marcador molecular. Tal procedimento é mais simples rápido, pois dispensa as avaliações experimentais e a obtenção dos cruzamentos.

A estimativa da divergência genética, utilizando marcadore moleculares, pode ser obtida a partir de uma grande quantidade de informaçõe sobre a diversidade genética dos genótipos disponíveis para o melhorista. En geral, esses dados são obtidos na forma de uma matriz composta por cert número de genótipos que podem ser cultivares ou linhagens, genotipados po algumas dezenas ou centenas de marcadores. Dentre os marcadores, atualment os mais utilizados são os de DNA. Entre eles, O RAPD ("Random Amplifie Polymorphic DNA") (Williams et al., 1990) é o mais simples, permit identificar ampla variabilidade genética e por isso vem sendo um dos mai usados (Ferreira e Grattapaglia, 1996).

Um aspecto importante é a necessidade de se verificar se a distânci estimada por meio dos marcadores é eficiente na escolha das populaçõe segregantes mais promissoras. Na literatura, há resultados que indicam que o marcadores não são ineficientes e, sob esse aspecto, destacam-se os trabalhos d Duarte (1998), em feijão, que estimou a divergência genética por meio d marcadores RAPD; Helms et al. (1997), em soja, que estudaram a variânci genética, coeficiente de parentesco e distância genética utilizand microssatélites e RAPD e Cerna et al. (1997), também em soja, que estimaram distância genética utilizando AFLP. Entretanto, outros trabalhos mostram qu

os marcadores são eficientes na escolha de genitores (Burr et al., 1983; Kiang e Gorman, 1983, Chowdari et al., 1998). No caso do trabalho de Duarte (1998), com o feijoeiro, foram utilizados cultivares não adaptados, e a divergência genética não foi uma boa medida para a escolha de genitores quando o objetivo foi a obtenção de populações segregantes para a produtividade de grãos, devido à ineficiência dos marcadores na predição da CEC e heterose manifestada nos cruzamentos. Porém, não se dispõe de informações, no feijoeiro, da utilidade da distância genética estimada por meio de RAPD, para fins de escolha de genitores, quando esses são cultivares ou linhagens já adaptados. A correlação da distância genética com outras estimativas paramétricas, utilizadas na escolha de genitores, especialmente aquelas fornecidos pelo dialelo, fornece uma indicação da utilidade da mesma. Nesse contexto, os objetivos deste trabalho foram: 1) Estimar a distância genética obtida por marcadores RAPD, entre cultivares/linhagens adaptados de feijão; 2) Verificar se a distância genética estimada é eficiente na escolha de genitores promissores para cruzamentos por meio da correlação com algumas estimativas paramétricas do dialelo e com a distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado no laboratório de genética molecular do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), em Lavras-MG.

Foi estimada a divergência genética entre os doze cultivares/linhagens (Tabela 1), por meio de marcadores RAPD. Os procedimentos para extração do DNA e reação de RAPD foram feitos de forma semelhante ao procedimento usado por Nienhuis et al. (1995), com algumas modificações.

2.1 Extração de DNA

Foram usados cerca de dois gramas de folhas jovens, coletadas de cad cultivar/linhagem, que foram trituradas em 10ml de tampão de extração a 65°C em um almofariz. O tampão de extração constituiu-se de 2% de CTAB, 100mM de Tris (pH=8.0), 20 mM de EDTA (pH= 8.0), 1.4 M de NaCl e 1% PVP (polivinilpirrolidone). O material triturado foi colocado em tubos d centrífuga, juntamente com 20 µl de β-mercaptoetanol, e incubados por 30 a 6 minutos, em banho-maria, a 65°C. Foi realizada a primeira extração dos ácido nucléicos com clorofórmio: álcool isoamil (24:1). Durante essa extração, a fases orgânica e aquosa foram separadas por centrifugação e coletado sobrenadante.

Em seguida, os ácidos nucleícos foram precipitados pela adição de 3 ml da mistura etanol 95% e acetado de amônio 7,5 M (6:1) e a soluçã mantida a -20 °C, por uma noite. Após a precipitação, os ácidos nucléicos foran transferidos para tubos de microcentrífuga tipo "Eppendorf", centrifugados colocados para secar e rehidratados em tampão TE (1mM TRIS e 0.1 mM EDTA).

Foi realizada uma segunda extração com clorofórmio-álcool isoami (24:1), e o sobrenadante foi precipitado pela adição de pelo menos três volume de uma mistura de acetato de sódio 3M: etanol 95% (1:20). Os ácidos nucleíco foram rehidratados em tampão TE e quantificados usando-se o fluorímetr Hoeffer Scientific TKO 100.

2.2 Amplificação do DNA e eletroforese

A reação de RAPD foi preparada em volume de 10 µl, com a seguint composição: 20ng de DNA genômico, 100 µM de cada um do

desoxirribonucleotídeos (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), 0,4 μM de um oligonucleotídeo iniciador, 0,6 unidades da enzima Taq DNA polimerase, 50 mM de tris pH 8,3, 20 mM de KCl, 2mM de $MgCl_2$, 5μg.μl^{-1} de BSA, 0,25% de Ficol 400, 10mM de tartrazine e água pura estéril totalizando 10 μl.

As reações foram realizadas em tubos capilares de vidro, em um termociclador refrigerado a ar (Idaho Technology), programado para 40 ciclos, seguindo as seguintes condições: nos dois primeiros ciclos, foram utilizados 60 segundos para desnaturação a 91°C, 7 segundos para anelamento do iniciador a 42°C, e 70 segundos para elongacão a 72°C. Os 38 ciclos subsequentes diferiam dos dois primeiros, apenas em relação ao tempo de desnaturação, que foi reduzido para 1 segundo. Posteriormente, uma etapa de 4 minutos, a 72°C, foi programada para elongação final.

Após a amplificação, os produtos da reação foram separados por eletroforese, em gel de agarose, a 1%, em tampão TBE (0,045 M TRIS-Borato e 0,001 M EDTA), a 55 V, por 5 horas. Os fragmentos de DNA amplificados foram corados com brometo de etídio a uma concentração de 0,5 μg/ml, visualizados em transiluminador de luz ultravioleta Fotodyne e fotografados com filme instâtaneo Polaróide 667.

Foram utilizados 85 iniciadores decanucleotídeos, adquiridos junto à "Operon Technologies" (California, EUA), pré-selecionados pela resolução das bandas e por apresentarem polimorfismo. Bandas polimórificas foram classificadas como intensas, médias ou fracas, baseando-se na resolução e grau de amplificação por meio de avaliação visual. Contudo, apenas as bandas classificadas como intensas ou médias foram incluídas na análise.

TABELA 1. Origem, genealogia, hábito de crescimento, cor do tegumento e peso de 100 sementes dos 12 cultivares/linhagens utilizados para extração de DNA. Lavras-MG, 1999.

Cultivares/ Linhagens	Origem	Genealogia[2/]	Hábito de[1/] crescimento	Cor do tegumento	Peso de 100 sementes em (g)
1-Aporé	CNPAF	(Carioca/México 168)// (Carioca/Bat76)	III	Bege com estrias marrom	27
2-H-4-7	UFLA	(EMGOPA 201 Ouro/Carioca)	III	Bege com estrias marrom	21
3-PF - 9029975	CNPAF	Seleção no ESAL 582 (Carioca80/Rio Tibagi)	II	Bege com estrias marrom	17
4-CI - 128	UFLA	Seleção recorrente	III	Bege com estrias marrom	25
5-Carioca - MG	UFLA	(Carioca 80/Rio Tibagi)	II	Bege com estrias marrom	18
6-CI - 21	UFLA	Seleção recorrente	III	Bege com estrias marrom	22
7-Carioca 300 V	UFLA	Seleção no Carioca	III	Bege com estrias marrom	22
8-Ouro Negro	CIAT	Int. de Honduras (Hond. 35)	III	Preto	24
9-A-285 Rudá	CIAT	Carioca/Rio Tibagi	II	Bege com estrias marrom	16
10-ESAL 693	UFLA	(Carioca TU/ Linha 3272)	I	Bege com estrias marrom	19
11-Pérola	CNPAF	Seleção no Aporé	II/III	Bege com estrias marrom	23
12-IAC Carioca Aruã	IAC	(Cornell 49-242/ AB-136)	II/III	Bege com estrias marrom	25

[1/] I- hábito de crescimento determinado; II- hábito de crescimento indeterminado com guias curtas; III- hábito de crescimento indeterminado com guias longas; [2/]: /: cruzamento simples, //: cruzamento duplo.

2.3 Análise de similaridade genética

A partir de uma matriz de zeros e uns, elaborada a partir da codificação da presença (1) e ausência (0) de 137 bandas polimórficas, a estimativa de

similaridade genética (sg_{ij}) entre cada par de cultivares/linhagens ($_{ij}$) foi efetuada pelo coeficiente de Sorensen-Dice, por meio da seguinte expressão:

$$sg_{ij} = \frac{2a}{2a + b + c}$$

As variáveis da expressão foram obtidas conforme demonstrado na Tabela 2.

TABELA 2. Presença (1) e/ou ausência (0) de bandas em cada par (ij) de cultivar/linhagem.

Cultivar/linhagem j	Cultivar/linhagem i	
	1	0
1	a = 11	b = 10
0	c = 01	d = 00

As similaridades foram transformadas em medidas de distâncias genéticas, pela seguinte expressão: $dg_{ij} = 1 - sg_{ij}$. Tal transformação deve ser realizada desde que todas sg_{ij} sejam positivas, conforme relatam Jonhson e Wichern (1988).

As análises de similaridade genética foram realizadas no programa NTSYS-PC 2.0 (Rohlf, 1992).

Os erros associados a cada distância foram estimados segundo Skroch, Tivang e Nienhuis (1992), pelas expressões:

$$V = nd(1-d)/(n-1)$$

$$\text{Erro padrão estimado} = (V/n)^{1/2}$$

Em que:

V: Variância da distância genética entre cada par de cultivares/linhagens;

d: distância genética entre cada par de cultivares/linhagens;

n: número total de bandas polimórficas utilizadas na estimativa da distância genética.

O teste de t foi realizado para testar a significância das estimativas das distâncias.

Foi feita análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher, conforme citação de Rao (1952). Este método parte do princípio de que, a partir da matriz de dissimilaridade, é identificado o par de indivíduos mais próximo, formando o grupo inicial. Em seguida, é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos no grupo, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo é sempre inferior a qualquer distância intergrupo. A inclusão de um novo indivíduo sempre acarreta um acréscimo na distância média intragrupo. Assim, a decisão de incluí-lo depende desse acréscimo não superar um determinado limite estabelecido (α). Em geral, esse limite é tomado como sendo o valor máximo de distância, no conjunto das menores distâncias de cada indivíduo (Cruz, 1987). Para essa finalidade utilizou-se o programa GENES (Cruz, 1997). E por último foi feita a representação simplificada das distâncias por meio de um dendrograma obtido pelo método herárquico aglomerativo da média aritmética entre pares não ponderados (UPGMA), utilizando o programa NTSYS-PC 2.0 (Rohlf, 1992).

Foram estimadas correlações de posição entre as distâncias estimadas pelo RAPD com alguns parâmetros do dialelo e também com a distância de Mahalanobis (D^2) para verificar a concordância dessas técnicas. Tal procedimento foi utilizado para se avaliar a eficiência dos marcadores moleculares na predição da capacidade específica de combinação (CEC) e

heterose, estimaddas a partir do intercruzamento dos cultivares/linhagens no esquema dialélico (Capítulo 2). Foi também estimada a correlação entre as distâncias de RAPD e de Mahalanobis (Capítulo 1). Para esta finalidade, foi utilizado o programa GENES (Cruz, 1997).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Reação RAPD

Para o estudo da divergência genética, utilizando o RAPD, foram empregados 85 iniciadores, os quais geraram, pelo menos, uma banda polimórfica entre os cultivares/linhagens (Tabela 1C). Estes 85 iniciadores geraram 528 produtos de amplificação (bandas), com uma média de 6,21 bandas por iniciador. Destas, 137 foram polimórficas (média de 1,61 bandas por iniciador). O número de bandas polimórficas, neste estudo, na maioria das vezes variou de uma a duas por iniciador. No entanto, os iniciadores OP-B10, OP-AC19, OP-N09 e OP-R12 apresentaram três bandas polimórficas e os OP-Q16, OP-Y13 e OP-Y05 apresentaram quatro, cinco, e seis bandas polimórficas, respectivamente (Tabela 1C). O baixo grau de polimorfismo gerado já era esperado devido à homogeneidade dos materiais, que deve ter aumentado porque os cultivares/linhagens pertencem ao grupo carioca, com exceção do cultivar Ouro Negro, que possui sementes pretas. Assim, a maioria tem grande chance de ser aparentada, apesar de terem sido utilizadas linhagens/cultivares de diferentes origens (Tabela 1). Um exemplo do padrão de bandas é apresentado na Figura 1B.

Apesar do polimorfismo obtido ter sido menor do que em alguns trabalhos com feijão, utilizando cultivares divergentes (Vanconcelos et al., 1996; Duarte, 1998), vale ressaltar que o RAPD foi eficiente também para identificar variabilidade neste grupo de cultivares/linhagens, à semelhança de

um estudo realizado em soja (Abdelnoor, Barros e Moreira, 1995). Entretanto, o presente resultado só foi possível mediante o uso de um número maior de iniciadores (Tabela 1C), que produziu polimorfismo entre os doze cultivares/linhagens em relação ao empregado na maioria de outros estudos (Vasconcelos et al., 1996; Duarte, 1998). Além disso, esse número de iniciadores representa cerca de 10% do total utilizado previamente na seleção que consistiu de aproximadamente de um total de 900 iniciadores. A proporção de iniciadores que identificou polimorfismo, aliada ao reduzido número médio de bandas polimórficas por iniciadores, sugerem, mais uma vez, o maior grau de parentesco entre os cultivares/linhagens utilizados.

3.2 Avaliação da divergência genética

As 137 bandas polimórficas utilizadas no estudo, podem ser consideradas suficientes para a avaliação, conforme Johns et al. (1997), em estudo com 69 cultivares de feijão do Chile, que verificaram por reamostragem que 50 bandas produziram o mesmo agrupamento obtido com 106 bandas. Nienhuis et al. (1995), trabalhando também com reamostragem de bandas RAPD, verificaram para número acima de 100, que praticamente não há melhoria da eficiência no estudo da distância genética.

A partir das 137 bandas RAPD obtidas, foi estimada uma matriz de distâncias genéticas, a partir do complemento do coeficiente de similaridade de Sorensen-Dice, relacionando todos os pares de cultivares/linhagens (Tabela 2C). A distância genética média das 66 estimativas obtidas foi de 0,27 ± 0,07 com uma amplitude de 0,07 e 0,61. As menores distâncias foram obtidas entre os dois pares mais próximos: Carioca MG e Carioca 300V, e A-285 Rudá e Carioca MG e a maior entre os dois pares mais distantes: ESAL 693 e o Aporé e ESAL 693 e Carioca 300V. Vale ressaltar que as menores distâncias estão

associadas aos genitores geneticamente mais semelhantes e as maiores aos mais divergentes. Os erros associados a cada par de cultivares/linhagens permitiram verificar para todas as distâncias estimadas que elas diferem de zero pelo teste de t (t=1,96). Este resultado indica que existe diferença entre as distâncias dos cultivares/linhagens, as quais são indicativas da maior ou menor divergência entre eles. Em termos de escolha de genitores para programa de melhoramento, deve-se buscar genitores divergentes, portanto, os que apresentam distâncias maiores. Neste caso, destacam-se a linhagem ESAL 693 e Aporé, ESAL 693 e Carioca 300V, ESAL 693 e A-285 Rudá, , ESAL 693 e Carioca MG, e ESAL 693 e Pérola. Nota-se que a linhagem ESAL 693 apresentou divergência superior aos demais cultivares/linhagens.

O agrupamento dos cultivares/linhagens pelo método de Tocher, permitiu visualizar com mais facilidade o relacionamento dos mesmos. Para obtenção dos grupos pelo método de Tocher, em vez de se utilizar a maior distância entre os mínimos, no caso 0,48 correspondente à distância entre o ESAL 693 e o Ouro Negro (Cruz e Regazzi, 1997), adotou-se a distância de 0,20, que é diferente de zero pelo teste de t. De acordo com esse critério, foram formados cinco grupos. O primeiro está representado pela linhagem ESAL 693, o grupo II) Ouro Negro, o grupo III) IAC Carioca Aruã, o grupo IV) PF-9029975 e o grupo V) CI-21, CI-128, Aporé, Pérola, Carioca 300V, A-285 Rudá e Carioca MG. Posteriormente, também foi realizado o agrupamento utilizando o método hierárquico aglomerativo da média aritmética entre pares não ponderados (UPGMA) e obtido o dendrograma representado na Figura 2B. Com esse procedimento, houve também a formação de cinco grupos distintos na mesma sequência relatada para o método de Tocher.

De acordo com o critério adotado para a separação dos grupos, as populações esperadas com maior variabilidade genética são aquelas provenientes de cruzamentos em que um dos genitores seja o ESAL 693, que foi, também a

linhagem de maior divergência fenotípica, relatada no Capítulo 1. Quando em cruzamento com a linhagem H-4-7, a linhagem ESAL 693 apresentou o maior valor para a CEC e heterose para a produção de grãos, de acordo com o Capítulo 2. Isto indica que mesmo dentro de um grupo de cultivares/linhagens adaptados de feijão, existem algumas combinações que se complementam melhor em cruzamentos como a apresentada anteriormente. Entretanto, para o melhoramento, o ideal é selecionar cultivares/linhagens com alto desempenho *per se* e alto potencial heterótico e descartar os cultivares/linhagens de baixo desempenho *per se* e baixo potencial heterótico. Se o potencial heterótico do cultivar for o principal determinante do efeito da CGC, a escolha do mesmo para programas de melhoramento, principalmente no caso de autógamas, será inadequada, pois sabe-se que a heterose não traduz em superioridade de frequências alélicas, mas apenas sua divergência. Assim, se o cultivar selecionado apresentar baixa frequência de alelos favoráveis, sob o propósito do melhoramento, isto é indesejável e acarretará na obtenção de populações segregantes com reduzida variabilidade a ser liberada, traduzindo em poucos ganhos com a seleção (Cruz e Vencovsky, 1989). A divergência da linhagem ESAL 693 era esperada, porque essa linhagem é a única de hábito de crescimento I, proveniente do cruzamento [Carioca x TU] x L-3272] (Nunes, 1997). O Carioca x TU é, na verdade, um cruzamento de cuja população segregante foi selecionada uma linhagem com hábito de crescimento I , sementes de tamanho médio e portadora do alelo Co.5 de resistência a *Colletotricum lindermuthianum*. O TU é uma linhagem mexicana e fonte do alelo de resistência Co.5, enquanto a L-3272 é uma linhagem mutante do cultivar Milionário. Portanto, é de se esperar que a linhagem ESAL-693 possua a menor proporção de alelos do cultivar Carioca, em comparação com os demais cultivares/linhagens avaliados, apesar de apresentar o tipo de grão semelhante ao Carioca. Observa-se que a sua divergência em relação aos demais

cultivares/linhagens com grãos tipo carioca é maior do que a divergência do cultivar Ouro Negro, o qual não possui nenhum parentesco com o Carioca. Entretanto, o Ouro Negro possui um elevado potencial produtivo e hábito de crescimento II, portanto, diferente em vários caracteres agronômicos em relação ao ESAL 693, quando comparado com os demais.

A divergência do Ouro Negro era esperada em função de sua origem (Tabela 1) e também porque os demais cultivares/linhagens possuem algum parentesco com o cultivar Carioca. Espera-se, assim, que as populações segregantes, provenientes de cruzamentos em que participa o Ouro Negro, devam possuir ampla variabilidade. Entretanto, o fato do Ouro Negro possuir sementes pretas contribui para maior dificuldade na seleção de linhagens com tipo de grãos semelhantes ao carioca, que é de melhor aceitação comercial. Esse cultivar também apresentou divergência fenotípica, como demonstrado no Capítulo 1. Quando em cruzamento com as linhagens Pérola e CI-128, o Ouro Negro apresentou valores positivos de capacidade específica de combinação e elevadas produções de grãos, sendo, portanto, essas populações promissoras para a seleção de linhagens (Capítulo 2).

Em ordem decrescente de divergência, as populações provenientes do cultivar IAC Carioca Aruã são esperadas como potenciais de ampla variabilidade. Essa indicação é útil quando o objetivo é a obtenção de linhagens com hábito de crescimento II ou III , com alto potencial produtivo e grãos tipo carioca. A divergência do IAC Carioca Aruã é explicada pelo fato do cultivar ter entre seus genitores o cultivar Cornell 49242, que possui sementes pretas e hábito de crescimento III e a linhagem AB136, que, além de não ser adaptada em nossas condições, possui hábito de crescimento IV e grãos vermelhos. Portanto, ambas são diferentes do cultivar Carioca em vários caracteres agronômicos. Com relação às distâncias entre os pares de cultivares/linhagens considerando as dez características agronômicas avaliadas (Capítulo 1), o

cultivar IAC Carioca Aruã e a linhagem A-285 Rudá mostraram-se pouc divergentes. E esse mesmo cultivar, quando cruzado com as linhagens A-28 Rudá e PF-9029975, apresentou produções, capacidade específica d combinação e heteroses de grandes magnitudes, no entanto, a capacidade ger de combinação foi negativa para a linhagem A-285 Rudá (Capítulo 2).

A linhagem PF-9029975 também mostra ser promissora para gera populações com variabilidade genética, quando cruzada com o restante do cultivares/linhagens menos divergentes, representados na Figura 2B. À primeir vista, esse resultado é inesperado, uma vez que o PF-9029975 e o cultiva Carioca MG são provenientes do cruzamento do Carioca 80 x Rio Tibagi, send ambas linhagens selecionadas de famílias irmãs. Entretanto, a populaçã Carioca 80 x Rio Tibagi possui ampla variabilidade e, consequentemente, possível a seleção de linhagens divergentes. Assim, as populações segregante provenientes do PF-9029975 também são promissoras para a seleção d linhagens com grãos tipo carioca, hábito de crescimento II ou III e elevad potencial produtivo. Essa linhagem e o cultivar Carioca MG apresentaram menor distância relativa à divergência avaliada a partir das características morfo agronômicas, no entanto, essa linhagem e o ESAL 693 apresentaram a maio distância (Capítulo 1). A linhagem PF-9029975, além de apresentar valo positivo de capacidade geral de combinação, quando cruzada com o Our Negro, exibiu valor positivo de capacidade específica de combinação e elevad produção de grãos, sendo promissora para a seleção de linhagens (Capítulo 2).

Excetuando-se o ESAL 693, os conjuntos de populações esperados con maior variabilidade genética, em ordem decrescente, são as provenientes do seguintes cultivares/linhagens comuns: Ouro Negro, IAC Carioca Aruã, PF-9029975 e os demais que ocorreram em um único grupo.

Os oito cultivares/linhagens restantes ocorreram em um único grup (Figura 2B) e as populações provenientes de intercruzamentos biparentais entr

eles devem gerar menor variabilidade. No entanto, nota-se uma tendência de separação dos grupos em dois sub-grupos, sendo um deles constituído pelas linhagens H-4-7, CI-128 e CI-21. O outro é formado pelo Carioca MG, A-285 Rudá, Carioca 300V, Pérola e Aporé. Embora todos sejam portadores de sementes tipo carioca, dentro do primeiro sub-grupo, as linhagens CI-128 e CI-21 foram selecionadas em uma população segregante, proveniente de um programa de seleção recorrente, formado por mais de uma dezena de genitores. O H-4-7 é descendente do cruzamento EMGOPA 201 Ouro x Carioca. Já dentro do segundo sub-grupo, os cultivares /linhagens são provenientes de cruzamentos com 50% ou mais de alelos do cultivar Carioca ou são linhagens selecionadas dentro do próprio Carioca, como é o caso do Carioca 300V. Assim, é compreensível essa divergência. Os cultivares/linhagens Aporé e Carioca 300V, PF-9029975 e Carioca MG, IAC Carioca Aruã e A-285 Rudá, e Carioca MG e A-285 Rudá foram os pares mais próximos de acordo com as distâncias estimadas a partir de dez características morfo-agronômicas para a obtenção da divergência fenotípica, relatadas no capítulo 1. Já os cultivares/linhagens Aporé, PF-9029975, CI-128, Ouro Negro e Pérola apresentaram valores positivos de capacidade geral, sendo, portanto, os mais promissores para gerar populações com alta média. Entre os genitores com valores positivos de capacidade geral de combinação, as populações Aporé x CI-128 e CI-128 x Pérola também exibiram valores positivos de capacidade específica de combinação e elevadas produção de grãos, sendo, assim, as mais promissoras para a seleção de linhagens (Capítulo 2).

Deve ser também salientado que a distância genética, estimada por meio do RAPD, baseia-se em um conjunto de fragmentos aleatórios de DNA, as 137 bandas polimórficas relacionadas na Tabela 1C, que constituem-se uma amostra do genoma do feijão. Consequentemente, os fragmentos amostrados não se referem somente aos caracteres agronômicos e, por essa razão, podem ocorrer

algumas discrepâncias das distâncias estimadas por meio do RAPD em relaçã aos resultados esperados com base nos fenótipos dos diferente cultivares/linhagens. Por exemplo, de acordo com os resultados da Figura 2B, cultivar Carioca 300V, embora não seja divergente em relação ao cultivares/linhagens do grupo V com base nos marcadores, difere principalment em relação ao hábito de crescimento e tipo de grão. Por outro lado, o cultiva Pérola é uma linha selecionada dentro do cultivar Aporé, o qual é também um seleção dentro da população segregante (Tabela 1), portanto, esperados muit semelhantes, tendendo a ser mais divergentes, segundo o RAPD.

3.3 Correlação entre as distâncias de Mahalanobis (D^2), marcadores RAPD e parâmetros do dialelo.

Foram estimados os coeficientes de correlação de posição, considerand as distâncias entre os doze cultivares/linhagens, avaliados por meio do RAPD também a partir da avaliação de dez caracteres agronômicos na média de quatr épocas. Estimaram-se também as correlações envolvendo as capacidades geral especifica de combinação a partir da produção de grãos das populações F_2 provenientes do intercruzamento dos cultivares/linhagens no esquema dialélico Em razão das populações F_2 terem sido avaliadas somente no inverno de 1998 para evitar interação de genótipos por época, foi estimada também a distância d Mahalanobis (D^2) para esta época.

Constata-se que as distâncias estimadas por meio de caractere agronômicos e de marcadores RAPD foram altamente correlacionadas (Tabel 3C). Isso sugere que os marcadores são também úteis para prever as populaçõe mais segregantes quando o interesse é por vários caracteres agronômicos.

No entanto, não foram observadas correlações entre as distâncias d Mahalanobis (D^2) e os parâmetros do dialelo relativo à produção de grãos e, em

particular, a capacidade específica de combinação, que é indicadora do nível de variabilidade das populações (Tabela 3C). Esse fato indica que as distâncias de Mahalanobis (D^2) e de RAPD não são úteis quando o interesse é a escolha de genitores visando identificar populações segregantes, somente com base na produção de grãos, em virtude da falta de variabilidade entre os cultivares/linhagens demonstrada pela análise multivariada relatada no Capítulo 1. Esse resultado ocorreu devido aos cultivares/linhagens estudados terem sido selecionados em ensaios anteriores e, portanto, adaptados, como pode ser verificado pelo baixo polimorfismo obtido pelos marcadores RAPD e também pelo resultado da análise dialélica (Capítulo 2), que resultou em significância superior da capacidade específica de combinação em relação capacidade geral de combinação. Sprague e Tatum (1942); Lonquist e Gardner (1961); Allard (1971) e Vencovsky (1980) relatam que esse procedimento resulta em uma seleção prévia para a capacidade geral de combinação, na qual a variância para os efeitos aditivos é reduzida e consequentemente aumenta a importância dos efeitos não aditivos. Esses resultados confirmam as observações de Abreu (1997) e Duarte (1998) em feijão, mesmo trabalhando com cultivares não adaptados. No entanto, discorda dos resultados de Arunachalam, et al. (1984), em amendoim; Shamsuddin (1985), em trigo de inverno; Gupta, Sekhon e Satija (1991), em mostarda; Dias e Kageyama (1997), em cacau e Miranda (1998), em soja, relativos à correlação entre CEC e distância de Mahalanobis (D^2).

Shamsuddin (1985) relata que a correlação entre a divergência genética dos genitores e heterose para produção de grãos nos híbridos foi positiva e significativa, sendo estimada em 0,45, e a correlação entre divergência e os efeitos da capacidade específica de combinação para a produção de grãos nos híbridos também foi positiva e significativa, sendo estimada em 0,44, indicando que o cruzamento entre genitores divergentes produziu híbridos heteróticos.

A ausência de correlação entre as distâncias estimadas por meio d RAPD e a CEC e heterose confirmam as observações de Godshalk, Lee Lamkey (1990); Melchinger et al. (1990); Bernardo (1992); Duarte (1998) Ajmone Marsan et al. (1998). Contudo, Smith et al. (1990) e Lee et al. (1989 encontraram resultados discordantes. Depreende-se, assim, que a ausência d ligação entre os genes que controlam os caracteres quantitativos e o marcadores, a identificação de regiões do cromossomo que podem ter maior o menor contribuição para o desempenho do híbrido e heterose e, finalmente, inadequada cobertura do genoma pelos marcadores para diferentes níveis d dominância, são os responsáveis por essa falta de correlação (Ajmone Marsan e al., 1998).

4 CONCLUSÕES

1- As distâncias genéticas baseadas no RAPD foram eficientes para classifica os cultivares/linhagens com diferentes níveis de divergência, formand cinco grupos distintos: Grupo I) ESAL 693; grupo II) Ouro Negro; grup III) IAC Carioca Aruã; Grupo IV) PF-9029975 e Grupo V) CI-21, CI-128 H-4-7, Aporé, Pérola, Carioca 300V, A-285 Rudá e Carioca MG;

2- A distância com base no RAPD foi eficiente para a escolha de genitores quando o interesse é por populações segregantes em vários caractere agronômicos. Porém, ela não foi eficiente quando o objetivo é a escolha d populações segregantes apenas para a produção de grãos, em virtude do cultivares/linhagens serem semelhantes em relação a este caráter.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDELNOOR, R.V.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Determination of genetic diversity Brazilian soybean germplasm using random amplified polymorphic DNA technique and comparative analyses with pedigree data. **Revista Brasileira de Genética,** Ribeirão Preto,v.18,n,3,p.265-273.

ABREU, A. de F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais.** Lavras:UFLA, 1997. 79 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

AJMONE MARSAN, P.; CASTIGLIONI, P.; FUSARI, F. et al. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.96,n.2,p.219-227, Feb. 1997.

ALLARD, R.W. **Princípios de melhoramento genético das plantas.** Editora Edgard Blucher, São Paulo. 1971. 381 p.

ARUNACHALAM, V.; BANDYOPADHYAY, A.; NIGAM, S.N. et al. Heterosis in relationship to genetic divergence and specific combining ability in groundnut (*Arachis hipogaea* L.). **Euphytica,** Wageningem, v,33,n.1,p.33-39, 1984.

BERNARDO, R. Relationship between single cross performance and molecular marker heterozygosity. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.83,n.4,p.628-634, July 1992.

BURR, B.; EVOLA, S.V.; BURR, F.A. et al. The application of restriction fragment length polymorphisms to plant breeding. In : SETLOW, J.K.; HOLLAENDER, A.(eds.) **Genetic Engineering Principles and Methods.** London: Plenum , 1983. v.5, p.45-59.

CERNA, F.J.; CIANZIO, S.R.; RAFALSKI, A. et al. Relationship between seed yield heterosis and molecular marker heterozygosity in soybean. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.95,n.1,p.460-467, July 1997.

CHOWDARI, K.V.; VENKATACHALAM, S.R.; DAVIERWALA, A.P. et al. Hybrid performance and genetic distance as revealed by the $(GATA)_4$ microsatellite and RAPD markers in pearl millet. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.97,n.1p.163-169, July 1998.

CRUZ, C.D. **Algumas técnicas de análises multivariada no melhoramento d plantas.** Piraciacaba:ESALQ, 1987. 75 p. (Monografia em tópicos d melhoramento).

CRUZ, C.D. **Programa Genes:** aplicativo computacional em genética estatística. Viçosa:UFV, 1997, 442 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados a melhoramento genético.** Viçosa:UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de anális dialélica. **Revista Brasileira de Genética,** Ribeirão Preto, v.12,n.2,p.425 438, 1989.

DIAS, L.A.; KAGEYAMA, P.Y. Multivariate genetic divergence and hybri performance of cacau (*Theobroma cacao* L.). **Revista Brasileira d Genética,** Ribeirão Preto, v.20,n.1,p.63-70, mar. 1997.

DUARTE, J.M. **Estudo da divergência genética em raças de feijão por mei de marcadores RAPD.** Lavras: UFLA, 1998. 78 p. (Dissertação-Mestrad Genética e Melhoramento de Plantas).

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadore moleculares RAPD e RFLP em análise genética.** Brasília EMBRAPA/CENARGEN, 1996. 220 p.

GODSHALK, E.B.; LEE, M.; LAMKEY, K.R. Relationship of restrictio fragment length polymorphisms to single-cross hybrid performance o maize. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.80,p.273-280, 1990.

GUPTA, V.P.; SEKHON, M.S.; SATIJA, D.R. Studies on genetic diversity heterosis and combinin ability in Indian mustard (*Brassica juncea* L.)(Czer e Coss). **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding,** New Delhi v.51,n.4,p.448-453, 1991.

HELMS, T.; ORF, J.; VALLAD, G. et al. Genetic variance, coefficient o parentage, and genetic distance of six soybean populations. **Theoretica Applied Genetics,** Berlin, v.94,n.1,p.20-26, Jan. 1997.

JOHNS, M.A.; SKROCH, P.W.; NIENHUIS, J. et al. Gene pool classification of common bean landraces from Chile based on RAPD and morplhological data. **Crop Science,** Madison, v.37,n.2,p.605-613, Mar.Apr. 1997.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statical analysis.** New Jersey: Prendtice-Hall, 1988. 607 p.

KIANG, Y.T.; GORMAN,M.B. Soybean. In: TANKSLEY, S.D.; ORTON, T.F. (eds.). **Isozymes:** plant genetics and breeding, part B. . Amsterdam: Elsevier Science, 1983. p.295-328.

LEE, M.; GODSHALK, E.B.; LAMKEY, K.R. et al. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their crosses. **Crop Science,** Madison, v.29,p.1067-1071, 1989.

LONQUIST, J.H.; GARDNER, C.O. Heterosis in inter-varietal crosses in maze and its implication in breeding procedure. **Crop Science,** Madison, n.1,p.179-183, 1961.

MELCHINGER, A.E.; LEE, M.; LAMKEY, K.R. et al. Genetic diversity for restriction fragmenth length polymorphisms and heterosis for two diallel sets of maize inbreds. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.80,p.488-496, 1990.

MIRANDA, G.V. **Diversidade genética e desempenho de cultivares de soja como progenitores.** Viçosa:UFV, 1998. 117 p. (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).

NIENHUIS, J.; TIVANG, J.; SCKROCH, P. et al. Genetic relationship among cultivares and lines fo lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD markers. **Journal of the American Society for Horticultural Science,** Alexandria, v.20,n.2,p.300-306, 1995.

NUNES, G.H.S. **Seleção de famílias de feijoeiro adpatadas às condições de inverno do Sul de Minas Gerais.** Lavras: UFLA, 1997. 48p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research.** New York: J. Wiley, 1952. 390 p.

ROHLF, F.J. **Numerical taxonomy and multivariate analysis sistem.** Ne York, 1992. 470 p.

SHAMSUDDIN, A.K.M. Genetic diversity in relation to heterosis an combining ability in spring wheat. **Theoretical Applied Genetics,** berlin v.70,p.306-308, 1985.

SKROCK, P.; TIVANG, J.; NIENHUIS, J. Analysis of genetic relationship using RAPD marker data. In: APPLICATIONS OF RAPD TECHNOLOG TO PLANT BREEDING, Minneapolis, 1992. **Proceedings...** Minneapolis Crop Science Society of America, 1992. p.26-30.

SMITH, O.S.; SMITH, J.S.C.; BOWEN, S.L. et al. Similarities among a grou of elite maize inbreds as measuered by pedigree, F_1grain yield, heterosis, an RFLPs. **Theoretical Applied Genetics,** Berlin, v.80,n.33,p.833-840, 1990.

SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General vs specific combining ability in singl crosses of corn . **Journal American Society Agronomy,** Madison v.34,n.10,p923-932, 1942.

VASCONCELOS, M.J.V.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. et al. geneti diversity of the common bean *Phaseolus vulgaris* L. determined by DNA based molecular markers. **Brazilian Journal of Genetics,** Ribeirão Preto v.19,n.3,p.474-451, Sept. 1996.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G **Melhoramento e produção de milho no Brasil.** Fundação Cargill, ESALQ Piracicaba, 1980. p.122-199.

WILLIAMS, J.G.K.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J. et al. Polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acid Research,** Oxford, v.18,n.22,p.6531-6535, 1990.

ANEXOS

ANEXO

TABELA 1C. Iniciadores utilizados e respectiva sequência de bases, número de bandas polimórficas e monomórficas para os 12 cultivares/linhagens estudados. Lavras-MG, 1998.

Iniciador	Sequência (5'-3')	Nº Bandas Polimórficas	Nº Bandas Monomórficas
OP-A02	TGCCGAGCTG	2	7
OP-A03	AGTCAGCCAC	1	8
OP-A04	AATCGGGCTG	2	1
OP-A07	GAAACGGGTG	1	1
OP-A09	GGGTAACGCC	1	5
OP-A20	GTTGCGATCC	1	2
OP-AA02	GAGACCAGAC	2	2
OP-AA03	TTAGCGCCCC	1	4
OP-AA04	AGGACTGCTC	1	9
OP-AA10	TGGTCGGGTG	1	4
OP-AA11	ACCCGACCTG	1	3
OP-AA16	GGAACCCACA	2	8
OP-AC07	GTGGCCGATG	1	4
OP-AC10	AGCAGCGAGG	1	6
OP-AC19	AGTCCGCCTG	3	6
OP-AD01	CAAAGGGCGG	1	6
OP-AF03	GAAGGAGGCA	1	6
OP-AG13	GGCTTGGCGA	2	6
OP-AG17	AGCGGAAGTG	1	3
OP-AH13	TGAGTCCGCA	1	4
OP-AL08	GTCGCCCTCA	1	6
OP-AL13	GAATGGCACC	1	4
OP-B05	TGCGCCCTTC	1	7
OP-B08	GTCCACACG	1	2
OP-B10	CTGCTGGGAC	3	3
OP-C05	GATGACCGCC	1	6
OP-C08	TGGACCGGTG	2	5
OP-C19	GTTGCCAGCC	1	4
OP-D05	TGAGCGGACA	2	4
OP-E04	GTGACATGCC	1	3
OP-F03	ACAGGTGCGT	1	6
OP-F04	GGTGATCAGG	1	4
OP-F06	GGGAATTCGG	1	3
OP-F08	GGGATATCGG	1	2
OP-G09	CTGACGTCAC	2	2
OP-G10	AGGGCCGTCT	1	2
OP-G17	ACGACCGACA	1	8
OP-G19	GTCAGGGCAA	1	7
OP-H04	GGAAGTCGCC	2	4
OP-H19	CTGACCAGCC	2	5
OP-H20	GGGAGACATC	1	7
OP-I06	CAGCGACAAG	2	7
OP-I07	TCATCCGAGG	2	3
OP-I14	TGACGGCGGT	1	5
OP-I15	TCATCCGAGG	1	2
OP-J10	AAGCCCGAGG	2	5
OP-K07	AGCGAGCAAG	1	7

...continuação TABELA 1C...

OP-K10	GTGCAACGTG	1	3
OP-K16	GAGCGTCGAA	2	5
OP-K19	CAAGGCGGA	1	3
OP-L01	GGCATGACCT	1	10
OP-L04	GACTGCACAC	2	5
OP-L07	AGGCGGGAAC	2	5
OP-L08	AGCAGGTGGA	2	8
OP-L09	GTCTTGCGGA	1	1
OP-M02	ACAACGCCTC	1	5
OP-M09	GTCTTGCGGA	1	3
OP-M10	TCTGGCGCAC	1	3
OP-M12	GGGACGTTGG	2	4
OP-N02	ACCAGGGGCA	1	4
OP-N09	TGCCGGCTTG	3	2
OP-N16	AAGCGACCTG	2	6
OP-P08	ACATCGCCCA	2	7
OP-Q16	AGTGCAGCCA	4	6
OP-Q20	TCGCCCAGTC	1	3
OP-R12	ACAGGTGCGT	3	5
OP-S19	GAGTCAGCAG	2	5
OP-U10	ACCTCGGCAC	2	4
OP-U20	ACAGCCCCCA	2	6
OP-V10	GGACCTGCTG	2	5
OP-W06	AGGCCCGATG	1	4
OP-W09	GTGACCGAGT	1	4
OP-W10	TCGCATCCCT	2	1
OP-W20	TGTGGCAGCA	1	6
OP-X03	TGGCGCAGTG	2	5
OP-X14	ACAGGTGCTG	2	5
OP-Y02	CATCGCCGCA	1	5
OP-Y03	ACAGCCTGCT	2	1
OP-Y05	GGCTGCGACA	6	6
OP-Y13	GGGTCTCGGT	5	5
OP-Y15	AGTCGCCCTT	2	6
OP-Y16	GGGCCAATGT	2	5
OP-Y19	TGAGGGTCCC	1	7
OP-Z03	CAGCACCGCA	2	4
OP-Z12	TCAACGGGAC	2	1
Total		137	391

TABELA 2C. Matriz de distâncias genéticas (abaixo da diagonal) e erro padrão estimado (acima da diagonal) entre os cultivares/linhagens de feijão analisados dois a dois. Lavras-MG, 1998

C/L	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1		0,04	0,04	0,04	0,03	0,04	0,04	0,05	0,04	0,05	0,04	0,05
2	0,21		0,04	0,03	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,05	0,04	0,04
3	0,29	0,20		0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,05	0,04	0,04
4	0,22	0,08	0,20		0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,05	0,03	0,04
5	0,12	0,21	0,25	0,19		0,04	0,03	0,04	0,02	0,05	0,03	0,04
6	0,24	0,16	0,22	0,15	0,23		0,04	0,04	0,04	0,05	0,04	0,04
7	0,15	0,18	0,21	0,18	0,07[1]	0,20		0,04	0,03	0,05	0,03	0,04
8	0,36	0,30	0,28	0,28	0,29	0,27	0,30		0,04	0,05	0,04	0,05
9	0,17	0,19	0,19	0,18	0,07[1]	0,20	0,08	0,28		0,04	0,03	0,04
10	0,61[2]	0,55	0,53	0,51	0,59[2]	0,53	0,59[2]	0,48	0,59[2]		0,04	0,05
11	0,18	0,17	0,20	0,15	0,11	0,19	0,11	0,28	0,09[1]	0,57		0,04
12	0,34	0,28	0,31	0,30	0,27	0,27	0,22	0,32	0,28	0,53	0,26	

C/L: cultivares/linhagens (1- Aporé, 2- H-4-7, 3- PF-9029975, 4- CI-128, 5- Carioca MG, 6- CI-21, 7- Carioca 300V, 8- Ouro Negro, 9- A-285 Rudá, 10- ESAL-693, 11- Pérola, 12- IAC Carioca Aruã); [1]: pares de cultivares/linhagens menos divergentese [2]: pares de cultivares/linhagens mais divergentes.

TABELA 3C. Coeficiente de correlação entre as distâncias de Mahalanobis (D^2) correspondente ao inverno/98, marcadores RAPD, média das quatro épocas, capacidade geral de combinação dos genitores para o caráter produção de grãos (CGC_i+CGC_j), capacidade específica de combinação e heterose (%) em relação a média dos pais. Lavras-MG, 1997/1998.

	D^2	RAPD	Média	(CGC_i+CGC_j)	CEC	Heterose
D^2	-	0,61**	0,78**	0,21^{NS}	0,08^{NS}	0,16^{NS}
RAPD		-	0,59**	-0,20^{NS}	-0,07^{NS}	0,11^{NS}
Média			-	-0,03^{NS}	-0,14^{NS}	-0,03^{NS}
(CGC_i+CGC_j)				-	0,13^{NS}	0,14^{NS}
CEC					-	0,71**
Heterose						-

**: significativo pelo teste de t ao nível de 1% de probabilidade; ^{NS}: não significativo pelo teste de t.

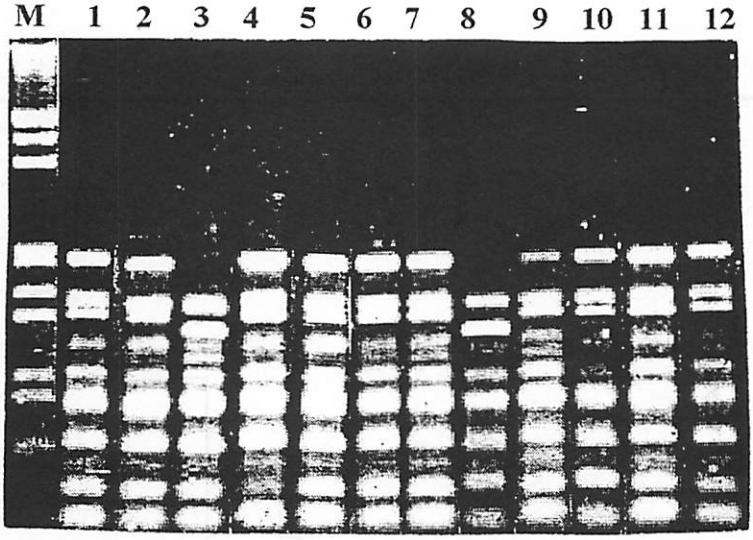

FIGURA 1B. Produtos de amplificação do DNA obtidos com o iniciador OPY-05. A coluna M correspondente aos fragmentos de DNA do Bacteriófago λ digerido com as endonucleases HindIII e Eco RI, de tamanhos conhecidos. As colunas de 1 a 12 correspondem aos produtos de amplificação dos cultivares/ linhagens (1- Aporé, 2- H-4-7, 3-PF-9029975, 4- CI-128, 5- Carioca MG, 6- CI-21, 7- Carioca 300V, 8- Ouro Negro, 9- A-285 Rudá, 10- ESAL-693, 11- Pérola e 12- IAC Carioca Aruã).

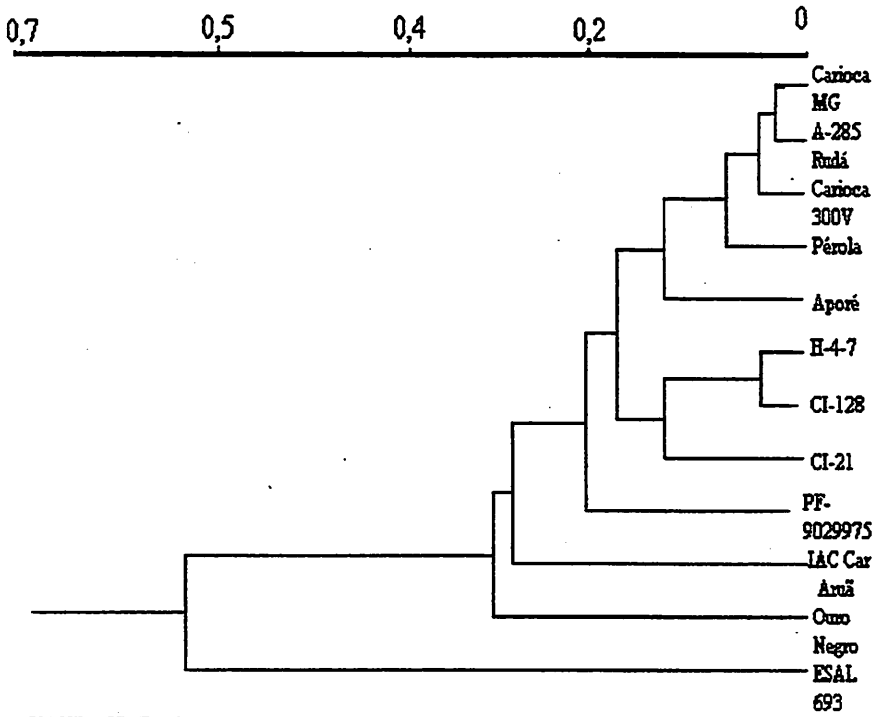

FIGURA 2B. Dendrograma de distâncias genéticas entre os cultivares/linhagens de feijão obtido pelo método UPGMA.